

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:103:

20 gagcgcgcgc gcaacggcgcg cgacggccac gaccggcccc cgccccgcag gccgccccgc 60
gcccgcgccg ccatgggagt ggagggctgc accaagtga tcaagtacct gctcttcgtc 120
ttcaatttcg tcttctggct ggctggaggc gtgatcctgg gtgtggccct gtggctccgc 180
catgacccgc agaccaccaa cctcctgtat ctggagctgg gagacaagcc cgcgccaac 240
25 accttctatg taggcatac catcctcatc gctgtgggcg ctgtcatgat gttcgttggc 300
ttcctgggct gctacggggc catccaggaa tcccagtgcc tgctggggac gttcttcacc 360
tgcttggtca tcctgtttgc ctgtgaggtg gccgcggca tctggggctt tgtcaacaag 420
gaccagatcg ccaaggatgt gaagcagttc tatgaccagg ccctacagca ggccgtggtg 480
gatgatgacg ccaacaacgc caaggctgtg gtgaagacct tccacgagac gcttgactgc 540
30 tgtggctcca gcacactgac tgctttgacc acctcagtgc tcaagaacaa tttgtgtccc 600
tcgggcagca acatcatcag caacctcttc aaggaggact gccaccagaa gatcgatgac 660
ctcttctccg ggaagctgta cctcatcggc attgctgcca tcgtggtcgc tgtgatcatg 720
atcttctgaga tgatcctgag catggtgctg tgctgtggca tccggaacag ctccgtgtac 780
tgaggccccg cagctctggc cacagggacc tctgcagtgc cccctaagtg acccgacac 840
35 ttccgagggg gccatcaccg cctgtgtata taacgtttcc ggtattactc tgctacacgt 900
agccttttta cttttggggg tttgtttttg ttctgaactt tcctgttacc ttttcagggc 960
tgacgtcaca tgtaggtggc gtgtatgagt ggagacgggc ctgggtcttg gggactggag 1020
ggcagggggtc cttctgccc tgggtcccag ggtgctctgc ctgctcagcc aggcctctcc 1080
40 tgggagccac tcgcccagag actcagcttg gccaaacttg ggggctgtgt ccaccagcc 1140
cgcccgctct gtgggctgca cagctcacct tgttccctcc tgccccggtt cgagagccga 1200
gtctgtgggc actctctgcc ttcatgcacc tgctctttct aacacgtcgc cttcaactgt 1260
aatcacaaca tcctgactcc gtcatttaat aaagaaggaa catcaggcat gctaaaaggc 1320
ctgtgcagtc cctcaaaaaa a 1341

45

50

55

60

65

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:102:

```

ctcgagccga atcggtcg agcgccggac acctcagacg gacgggccag ggatcaggca 60
gcggctcagg cgaccctgag tgtgccccca ccccgccatg gcccggtgc tgcaggcgtc 120
ctgcctgctt tccctgctcc tggccggctt cgtctcgag agccggggac aagagaagtc 180
gaagatggac tgccatggtg gcataagtgg caccatttac gactacggag ccctcaccat 240
tgatggggag gactacatcc ccttcaagca gtatgctggc aaatacgtcc tctttgtcaa 300
cgtggccagc tactgaggcc tgacggggca gtacattgaa ctgaatgcac tacaggaaga 360
gcttgacca ttcggtctgg tcattctggg ctttccctgc aaccaatttg gaaaacagga 420
accaggagag aactcagaga tccttcctac cctcaagtat gtccgaccag gtggaggctt 480
tgtccctaatt ttccagctct ttgagaaagg ggatgtcaat ggagagaaag agcagaaatt 540
ctacactttc ctaaaagaact cctgtcctcc cacctcgag ctcctgggta catctgaccg 600
cctcttctgg gaacccatga aggttcacga catccgctgg aactttgaga agttcctggt 660
ggggccagat ggtataccca tcatgcgctg gcaccaccgg accacgggtca gcaacgtcaa 720
gatggacatc ctgtcctaca tgaggcggca ggcagccctg ggggtcaaga ggaagtaact 780
gaaggccgtc tcatcccatg tccaccatgt aggggaggga ctttgttcag gaagaaatcc 840
gtgtctccaa ccacactatc taccatcac agacccttt cctatcactc aaggccccag 900
cctggcaca atggatgcat acagtctgt gtactgccag gcatgtgggt gtgggtgcat 960
gtgggtgttt acacacatgc ctacaggtat gcgtgattgt gtgtgtgcat ggggtgtacag1020
ccacgtgtct acctatgtgt ctttctggga atgtgtacca tctgtgtgcc tgcagctgtg1080
tagtgctgga cagtgaacac ctttctctc cagttctcca ctccaatgat aatagttcac1140
ttacaccta acccaaagga aaaaccagct ctagggtcaa ttgttctgct ctaactgatal200
cctcaacctt ggggccagca tctccactg cctccaaata ttagtaacta tgactgacgt1260
ccccagaagt ttctgggtct accacactcc ccaaccccc actcctactt cctgaagggc1320
cctcccaagg ctacatcccc accccacagt tctccctgag agagatcaac ctccctgaga1380
tcaaccaagg cagatgtgac agcaagggcc acggacccca tggcaggggt ggcgtcttca1440
tgaggggagg gcccaaagcc cttgtgggag gacctccct gagcctgtct gagggggccag1500
cccttagtgc attcaggcta aggccctgg gcagggatgc caccctgtct ccttcggagg1560
acgtgccctc acccctcact ggtccactgg cttgagactc acccgtctg cccagtaaaa1620
gcctttctgc agcagctgaa aaaa 1644

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1341 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

ctcccccaaa ggccagtaat ggatccccgg cctcagtcct tactctgctt tgggatatgtg1920
 tgagcttcat tttgtacacg tgtgacttgc tccagttaca aacccaataa actctgtaga1980
 gtggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2040
 5 aa 2042

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 741 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:101:

cccttcccca cctttctcca gctctctccc actggttcct cccctctcaa ctgctctggt 60
 tcttataaaa acctcacagc ctccactaa catcccgtag gagcctctct ccctactgct120
 gctacacaag accctgagac tgacctgcag gacgaaacca tgaagagcct gatccttctt180
 45 gccatcctgg ccgccttagc ggtagtaact ttgtgttatg aatcacatga aagcatggaa240
 tcttatgaac ttaatccctt cattaacagg agaaatgcaa ataccttcat atccccctcag300
 cagagatgga gagctaaagt ccaagagagg atccgagaac gctctaagcc tgtccacgag360
 ctcaataggg aagcctgtga tgactacaga ctttgccaac gctacgccat ggtttatgga420
 tacaatgctg cctataatcg ctacttcagg aagcgccgag ggaccaaag agactgaggg480
 50 aagaaaaaaa atctcttttt ttctggaggc tggcacctga ttttgtatcc ccctgtagca540
 gcattactga aatacatagg cttatataca atgcttcttt cctgtatatt ctcttgctctg600
 gctgcacccc tttttccgcg cccagattg ataagtaatg aaagtgcact gcagtgaggg660
 tcaaaggaga gtcaacatat gtgattgttc cataataaac ttctggtgtg atactttcaa720
 55 aaaaaagaaa aaaagaagaa a 741

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:100:

gtcggcgcta gacgccggcg cgcacgccag ccggggggccg gggcgggggcg gcggcactgc 60
 ggtgaaagcc gaggcagcgg gcagacgagc agggggcggg cggacatctt gggatccgga 120
 gaggggccgg gccggcagag cagggggccg aggcaccag gtctgttctc agagcgatgg 180
 gccgcggaga ctgactctgc gccatgattg gaggttatt catctataat cacaaggggg 240
 aggtgctcat ctcccgagtc taccgagatg acatcgggag gaacgcagtg gatgccttcc 300
 ggggtcaatgt tatccatgcc cggcagcagg tgcgcagccc gtcaccaaca ttgctcgac 360
 cagcttcttc caggttaagc ggtccaacat ttggctggca gcagtcacca agcagaatgt 420
 caacgctgcc atggctcttc aattcctcta taagatgtgt gacgtgatgg ctgcctactt 480
 tggcaagatc agcgaggaaa acatcaagaa caattttgtg ctcatatatg agctgctgga 540
 tgagattcta gactttggct acccacagaa ttccgagaca ggcgcgctga aaaccttcat 600
 cacgcagcag ggcacaaaga gtcagcatca gacaaaagaa gagcagtcac agatcaccag 660
 ccaggtaact gggcagattg gctggcgggc agagggtatc aagtatcgtc ggaatgagct 720
 ctctctggat gtgctggaga gtgtgaacct gctcatgtcc ccacaagggc aggtgctgag 780
 tgcccatgtg tcggggccggg ttggtgatgaa gagctacctg agtggcatgc ctgaatgcaa 840
 gtttgggatg aatgacaaga ttgttattga aaagcagggc aaaggcacag ctgatgaaac 900
 aagcaagagc gggaagcaat caattgccat tgatgactgc acctccacc agtgtgtgcg 960
 actcagcaag ttgactctg aacgcagcat cagctttatc ccgccagatg gagagtttga 1020
 gcttatgagg tatcgcaaa ccaaggacat catccttccc ttccgggtga tcccgcctagt 1080
 gcgagaagtg ggacgcacca aactggaggt caagggtggt atcaagtcca actttaaac 1140
 ctactgctg gctcagaaga tcgaggtgag gatcccaacc ccactgaaca caagcggggt 1200
 gcaggtgatc tgcataagg ggaaggccaa gtacaaggcc agcgagaatg ccatcggtg 1260
 gaagatcaag gcatggcag gcatgaagga atcgcagatc agcgagaga ttgagcttct 1320
 gcctaccaac gacaagaaga aatgggctcg accccatt tccatgaact ttgaggtgcc 1380
 attcgcgccc tctggcctca aggtgcgcta cttgaagggt tttgaaccga agctgaacta 1440
 cagcgaccat gatgtcatca aatgggtgcg ctacattggc cgcagtgcca tttatgaaac 1500
 tcgctgctag ctgccactag gcagctagcc cacctcccca gccaccctcc tccacaggtc 1560
 caggtgccgc tccctccccc accacacatc agtgtctcct cctcctgct ttgctgcctt 1620
 ccctttgcac cagcccagat ctaggtctgg gccaaagcaca ttacaagtgg gaccgggtga 1680
 gcagcccctg ggctccctgg gcaggggagt tctgaggctc ctgctctccc atccacctgt 1740
 ctgtcctggc ctaatgccag gctctgagtt ctgtgaccaa agccaggtgg gttccctttc 1800
 cttcccaccc ctgtggccac agctctggag tgggagggtt gggtgcccct cacctcagag 1860

aagcacgtgg tacccaacga ggtggtggtg cagagactct tccagggtcaa agggcggcgt 600
 gtggtccgtg ccaccgaggt acctgtgtcc tgggagagct tcaacaatgg cgactgtctc 660
 atcctggacc tgggcaacaa catccaccag tgggtgtggtt ccaacagcaa tcggtatgaa 720
 5 agactgaagg ccacacaggt gtccaagggc atccgggaca acgagcggag tggccgggcc 780
 cgagtgcacg tgtctgagga gggcactgag cccgaggcga tgtctccagg gctgggcccc 840
 aagccggctc tgcctgcagg taccgaggac accgccaagg aggatgcggc caaccgcaag 900
 ctggccaagc tctacaaggt ctccaatggt gcagggacca tgtccgtctc cctcgtggct 960
 10 gatgagaacc ccttcgcccc gggggccctg aagtcagagg actgcttcat cctggaccac1020
 ggcaaagatg ggaaaaatctt tgtctggaaa ggcaagcagg caaacacgga ggagaggaag1080
 gctgccctca aaacagcctc tgacttcatc accaagatgg actaccccaa gcagactcag1140
 gtctcgggtcc ttcctgaggg cggtagagacc cactgttca agcagttctt caagaactgg1200
 cgggaccag accagacaga tggcctgggc ttgtcctacc tttccagcca tatcgccaac1260
 15 gtggagcggg tgccttcga cggccacc ctgcacacct ccactgccat ggccgccag1320
 cacggcatgg atgacgatgg cacaggccag aaacagatct ggagaatcga aggttccaac1380
 aaggtgcccc tggaccctgc cacatatgga cagtctatg gaggcgacag tacatcattc1440
 tgtacaacta ccgcatggt ggccgccagg ggagataat ctataactgg cagggtgccc1500
 20 agtctaccca ggatgaggtc gctgcatctg ccactctgac tgtcagctg gatgaggagc1560
 tgggaggtac ccctgtccag agcgtgtgg tccaaggcaa ggagccgcc cacctcatga1620
 gcctgtttgg tgggaagccc atgatcatc acaaggggcg cacctccgc gaggcgggc1680
 agacagcccc tggcagcacc cgcctcttcc aggtccgcgc caacagcgt ggagccacc1740
 gggctgttga ggtattgctt aaggctggtg cactgaactc caacgatgcc tttgttctga1800
 25 aaacccctc agccgctac ctgtgggtg gtacaggagc cagcgaggca gagaagacgg1860
 gggcccagga gctgctcagg gtgctgcggg cccaacctgt gcagggtgga gaaggcagcg1920
 agccagatgg cttctgggag gccctgggag ggaaggctgc ctaccgcaca tccccacggc1980
 tgaaggacaa gaagatggat gccatcctc ctgcctctt tgctgtctc aacaagattg2040
 gacgttttgt gatcgaagag gttcctggtg agctcatgca ggaagacctg gcaacggatg2100
 30 acgtcatgct tctggacacc tgggaccagg tctttgtctg ggttggaag gattctcaag2160
 aagaagaaaa gacagaagcc ttgacttctg ctaagcggta catcgagacg gaccagcca2220
 atcgggatcg gcggacgccc atcacctgg tgaagcaagg ctttgagcct ccctccttg2280
 tgggctggtt ccttggtcgg gatgatgatt actggtctgt ggacccctg gacaggcca2340
 35 tggctgagct ggctgcctga ggagggcag ggcccacca tgtcaccggt cagtgccttt2400
 tggaaactgtc cttccctcaa agaggcctta gagcgagcag agcagctctg ctatgagtgt2460
 gtgtgtgtgt gtgtgtgtt tttttttttt ttttttacag tatccaaaaa tagccctgca2520
 aaaattcaga gtccttgcaa aattgtctaa aatgtcagtg tttgggaaat taaatccaat2580
 aaaaaacattt tgaagtgtgt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2640
 40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2700
 agaaacaaca cacacacaca cacacactca taacagagct gctctgctcg ctctaaggcc2760
 tctttgaggg aaggacagtt ccaaaaggca ctgaccggtg acatgggtgg gccctgcccc2820
 tcctcaggca gccagctcag ccattggcct gtccaagggg tccacagacc agtaatcatc2880
 atcccagcca aggaaccagc ccacaaagga gggaggctca aagccttget tcaccaggt2940
 45 gatggcgctc cgccgatccc gattggctgg gtccgtctcg atgtaccget tagcagaagt3000
 caaggcttct gtcttttctt cttcttgaga atcctttcca accagacaa agacctggtc3060
 ccagggtgtc agaagcatga cgtcatcctg tgccaggctt tctgcatga gctcaccagg3120
 aacctcttcg atcacaaaac gtccaatctt gttggagcag gcaaagaggc gaggaggtg3180
 50 ggcattccatc ttcttgtcct tcagccgtgg ggtgtgcgg taggcagcct tcccgccag3240
 ggccctccag aagccatctg gctcgtgcgc ttctgccacc tgacaggtt gggcccgag3300
 caccctgagc agctcctggg ccccgctctt ctctgcctcg ctggctcctg taccaccca3360
 caggtaggc gctgagggg ttttcagaac aaaggcatcg ttggagttca gtgcaccagc3420
 cttaggcaat acctcaacag ccgggtggc tccagcgtg ttggcgcgga cctggaagag3480
 55 gcgggtgctg gcaggggctg tctgccgcc ctgcgggag gtgccgccct ttagatgat3540
 catgggcttc ccaccaaaca ggctcatgag gtggcgggc tccttgctt ggaccacagc3600
 gctctggaca ggggtacctc ccagctctc atccagctga gcagtcagga tggcagatgc3660
 agcgacctca tcctgggtag actgggcacc ctgccagtta tagattatct gccctggcg3720
 gccaccatgg cggtagttgt acagaatgat gtagctgtcg cctccataga actgtccata3780
 60 tgtggcaggg tccacgggca ccttggttga accttcgatt ctccagatct gtttctggcc3840
 tgtgccatcg tcatccatgc cgtgctgggc ggccatggca gtggaggtgt gcaggggtggc3900
 ggcgtcgaag ggcacccgct ccaggttggc gatatggctg gaaaggtagg acaagcccag3960
 gccatctgtc tggcttgggt cccgccagtt cttgaagaac tgcttgaaca gtgggtctc4020
 accgccctca ggaaggaccg agacctgagt ctgcttgggg tagtccatct tgggtgatga4080
 65 gtcagaggct ggtttgaggg cagccttctc tctcctcctg gtttgctgc ttgcctttcc4140
 agacaaagat tttccctcga gccgaattcg gctcagcgg ctcgag 4186

```

cagctggaca ggagcgggtat cacagcctgg ccccatgta ctatcgggg gcccaggctg 480
ccatcgtggt ctatgacatc accaacacag atacatttgc acgggccaag aactgggtga 540
aggagctaca gaggcaggcc agccccaaca tcgtcattgc actcgcggtt aacaaggcag 600
acctggccag caagagagcc gtggaattcc aggaagcaca agcctatgca gacgacaaca 660
gtttgctggt catggagaca tcagcaaaga ctgcaatgaa cgtgaacgaa atcttcatgg 720
caatagctaa gaagcttccc aagaacgagc cccagaatgc aactggtgct ccaggccgaa 780
accgaggtgt ggacctccag gagaacaacc cagccagccg gagccagtgc tgcagcaact 840
gagccccctt tgcctgcccg ctgccccgc ctcctccgc tgaatgacct gactggaatc 900
cactctaacc aatcgcaact aacgactcgg gccaccactg ggggggcagg gggaggggtc 960
caccatgatt tctccatata attttgatca taggcgggag tgagtcattc cactgcacc1020
tttctgtaca aatactaatt caattttaag tcttaagtca cttttttaat atatatgatc1080
ttctgctctt cccacttcct cccctttcta ctgctctccc attttccctt gctgggagta1140
gccacatgct cttgcccccc aacccttgta tatggggaca gtggggtcag tgcagctacc1200
ctttctttcc ctctcgcca acagcggacc cagcaagagc atccacatcc tcactttgtt1260
cggagtggtc tttggtttgg gcggtggggc agaccttggg aaggggctta ggaaggagaa1320
ggcagctctt ccttcagctg gctctcatca ggctgcagcc cctccccgc tcccacctcc1380
ctgctgggaa accacagcat tatcacagca ttattgtgac agccacgaac ccattgcca1440
caaccctcc accctcggtc accccaacct ctggctctga gccctgttct gaccaaata1500
tgatgatgag tatttggggg tgggtgggta agggggggag tgggagggga cggaaccaac1560
ttttctgta ttttgattg tatgttttct tcaacatgta accaatcagt atcttgtcaa1620
tatagtcagc cgatcgatcg acctcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1669

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4186 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:99:

```

gctgtcgcca ccatggctcc gcaccgcccc gcgcccgcgc tgctttgcgc gctgtccctg 60
gcgctgtgcg cgtgtcgcgt gcccgctgcgc gcggccactg cgtcgcgggg ggcgtcccag 120
gcggggggcgc cccaggggag ggtgcccgag gcgcccgcga acagcatggt ggtggaacac 180
cccagattcc tcaaggcagg gaaggagcct ggccctgcaga tctggcgtgt ggagaagtcc 240
gatctggtgc ccgtgcccac caacctttat ggagacttct tcacgggcga cgcctacgtc 300
atcctgaaga cagtgcagct gaggaacgga aatctgcagt atgacctcca ctactggctg 360
ggcaatgagt gcagccagga tgagagcggg gcggccgcga tctttaccgt gcagctggat 420
gactacctga acggccgggc cgtgcagcac cgtgaggtcc agggcttcga gtcggccacc 480
ttcctaggct acttcaagtc tggcctgaag tacaagaaag gaggtgtggc atcaggattc 540

```

```

aaccctgcc ctggtgtgag gaggaaatgg ctctggcctg gctgcctggc cgtggcttct 300
ctttggctcc caaagagaag gacagtgttg ggagtatctg ccgtggcttc tctttgctc 360
ccaaagagaa ggacagtgtt gggagtatct gccggcgctg tccaggtcct ttagtcagcg 420
5 tcactccatc tgatgtgcag aagctgggct gcacctgcgg ggggtgggcat agaccgggct 480
gggtctgcag cagcccctgg tcctgagcag gcggcagtga acagcactgg cccacctccc 540
actcacagcc cctctgtccc ctctgcagtg caccaggtg ggcccctctg cgtgcctttg 600
gggtctcccc tctcgtggtc gttctggccc gagggcctta gagtatggag gctgagccag 660
10 gccttgggtt tccccagcac agcctcctgt cgctgcatgc gacgtgttgg gatttttggg 720
tgaaagactc tcccacgctc tgttgggtga cttagctgcc tcaactggaag tgatgtgggt 780
ggaaggtggt tgtatgttac cttttccacc tctcattgtt ttccccagaa cattgtagat 840
gggggttggt agagggagaa ataagccagc cacggcagtc gcttggtttc ccaggtggaa 900
tggtgtaaca caggagatga tgggaacctg tcccgcagtc cctgcatgac cattggccct 960
15 gctggcctgg cgatgtgggc atcctggggt tcttagggtc ccagaacaag cccagggcaal1020
gctggaactt ggggtggggag gggacatgag gaggataaac agctgactgt ggcttcaagg1080
acatcagggc caccccaagt cctcagtgtc ctactcctgg caaggagtgt ggtttgatc1140
aaaagtgtt aaaattaata tgtgtcagt gattagaaca acactgttta cataaaaacc1200
20 atttttctaa ttctaacaag ttagaatgtg aggaaggaat gaacatgagt gtttaggaac1260
ctgccctttg gtgctgggct ggcgctccgc actggggtgt cctcgtgtgc tgggggctgc1320
tctgctgccc cggcccaggt ccccttgtgg tgttgccaga cgggcctcat ggtctgctgt1380
gcagagagag gcaggaagga tccctgaaga gtcttgaga aaaggttctg tgccctcagg1440
tggggcttac cccctcgtat ttataatctt aatttatata gtgaccaccg tggaaacaaa1500
25 cgctcttgt attgtcatgt acatagtcca tacctgagtg ctgtacataa gttgttctgt1560
gtataaataa aacaagcctg tttttgatct tcaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1615

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:98:

```

gaaaggcgga agtggaggcc ggagcctggg acaccgcggg cggggagaga agcggatccc 60
gtccgagccc cggccccaag taacgcgcgc gccccggagc cgccttgag gtccccctcc 120
ccactaagtg cctctttgca tagcaccagt cccacccgc acgtctctctg gaccactaca 180
65 gctggacggg caatggcggg tcggggaggc gcagacgacc caatggacca gctgctggga 240
acaagatctg tcaatttaag ctggttctgc tgggggagtc tgcggtaggc aaatccagcc 300
tcgtcctccg ctttgtcaag ggacagtttc acgagtacca ggagagcaca attggagcgg 360
ccttcctcac acagactgtc tgctggatg acacaacagt caagtttgag atctgggaca 420

```

```

tcgctgggta tcaagcacga ggaagcccc ggccacaggg ccaccaccaa ccccaatgca 420
tccaaatttg cccagaagat tgggtgctcc gagcgctgcc cccgatgcag ccaggcagtc 480
tatgctgcgg agaaggtgat tgggtgctggg aagtcctggc ataaggcctg ctttcgatgt 540
gccaagtgtg gcaaaggcct tgagtcaacc accctggcag acaaggatgg cgagatttac 600
tgcaaaggat gttatgctaa aaacttcggg cccaagggct ttggttttgg gcaaggagct 660
ggggccttgg tccactctga gtgaggccac catcaccac cacaccctgc ccactcctgc 720
gcttttcac gccattccat tcccagcagc tttggagacc tccaggatta tttctctgtc 780
agccctgcc catatcacta atgacttgaa cttgggcac tggctccctt tggtttgggg 840
gtctgcctga ggtcccaccc cactaaaggg ctcccaggg ctgggatctg acaccatcac 900
cagtaggaga cctcagtgtt ttgggtctag gtgagagcag gccctctcc ccacacctcg 960
ccccacagag ctctgttctt agcctcctgt gctgcgtgtc catcatcagc tgaccaagac 1020
acctgaggac acatcttggc acccagagga gcagcagcaa caggctggag ggagaggga 1080
gcaagaccaa gatgaggagg ggggaaggct gggttttttg gatctcagag attctcctct 1140
gtgggaaaga ggttgagctt cctggtgtcc ctccagagta gcctgaggag tcccagctta 1200
gggagtcact attggaggca gagaggcatg caggcggggt cctaggagcc cctgcttctc 1260
caggcctctt gcctttgagt ctttgtggaa tggatagcct cccactagga ctgggaggag 1320
aataaccag gtcttaagga ccccaaagtc aggatgtgt ttgatcttct caaacatcta 1380
gttcctctgt tgatgggagg atcctaataa aatacctgaa acatatattg gcatttatca 1440
atggtcaaa tcttcattta tctctggcct taacctggc tcttgaggct gcggccagca 1500
gagcccaggc cagggtctct ttcttgccac acctgcttga tctcagatg tggaggagg 1560
taggcactgc ctccagcttc atccaaacac ctttcccttt gccctgagac ctccagggac 1620
tccctttaac ccaagacct gcctcttcca ctccaccctt ctccagggac ccttagatca 1680
catcactcca cccctgccag gcccagggtt aggaatagtg gtgggaggaa ggggaaagg 1740
ctgggctcca ccgctcccag caactgaaag gacaacacta tctggagcca cccactgaaa 1800
gggctgcagg catgggctgt acccaagctg atttctcatc tggtaataa agctgtttag 1860
accagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg tagagaggca aaaagggggg 1910

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:97:

```

ggcagggact ctgatttggg ggtccgcgct gcccgctgcg tggetctggc cggggctggg 60
aaggagtagg tgatggtgcg agagggcagg gagctcgctt ggtgacaggg ctgtgccccg 120
taggagcagt gccaggtga aggatgcccc tggctctcca gggcactgac tttgcccttt 180
tttcccggtg atagtcatgg ctccagaggtg cttgtaaatg tcttggaag aggtttctgt 240

```

gaggcggaaa ttcctgccc atgacattgg ccagtcaccc attgtctcca tgccggacgg 780
 agacaagggtg gacctggaag ccttcagcga gtttaccaag atcatcacc cggccatcac 840
 ccgtgtggtg gactttgcc aaaaactgcc catgttctcc gagctgcctt gcgaagacca 900
 5 gatcatcctc ctgaaggggt gctgcatgga gatcatgtcc ctgcgggcgg ctgtccgcta 960
 cgaccctgag agcgacaccc tgacgctgag tggggagatg gctgtcaagc gggagcagct1020
 caagaatggc ggcctgggcg tagtctccga cgccatcttt gaactgggca agtcactctc1080
 tgcccttaac ctggatgaca cggaagtggc tctgtgtag gctgtgctgc taatgtcaac1140
 agaccgctcg ggcctgctgt gtgtggacaa gatcgagaag agtcaggagg cgtacctgct1200
 10 ggcgttcgag cactacgtca accaccgcaa acacaacatt ccgcacttct ggcccaagct1260
 gctgatgaag gagagagaag tgcagagttc gattctgtac aagggggcag cggcagaagg1320
 ccggccgggc gggtcactgg gcgtccaccc ggaaggacag cagcttctcg gaatgcatgt1380
 tgcttcagggt ccgcaggtcc ggcagcttga gcagcagctt ggtgaagcgg gaagtctcca1440
 15 agggccgggt cttcagcacc agagcccga gagcccgag cagcgtctcc tggagctgct1500
 ccaccgaagc ggaattctcc atgcccgagc ggtctgtggg gaagacgaca gcagtgaggc1560
 ggactccccg agctcctctg aggaggaacc ggaggtctgc gaggacctgg caggcaatgc1620
 agcctctccc tgaagcccc cagaaggccg atggggaagg agaaggagtg ccataccttc1680
 tcccaggcct ctgccccaa agcaggaggt gcctgaaagc tgggagcgtg ggctcagcag1740
 20 ggctggtcac ctcccatccc gtaagaccac cttcccttcc tcagcaggcc aaacatggcc1800
 agactccctt gctttttgct gtgtagttcc ctctgectgg gatgcccttc cccctttctc1860
 tgcttgcaaa catcttactt gtcctttgag gccccaaactc aagtgtcacc tccttcccc1920
 gctccccag gcagaaatag ttgtctgtgc ttcttggtt catgcttcta ctgtgacact1980
 25 tatctcactg ttttataatt agtcgggcat gagtctgttt cccaagctag actgtgtctg2040
 aatcatgtct gtatccccag tgcccgggtc agggcctggc atagagtagg tactccataa2100
 aaggtgtgtt gaattgaaaa aaaa 2125

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1910 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:96:

acgccttccg cggaggagag caaaacggcg cgcaggccgg gcgcacccac gccacttcc 60
 gagagcgctt gccgcccctg cgccgcccag ccagctgcca gaatgccgaa ctggggagga 120
 65 ggcaagaaat gtgggggtgtg tcagaagacg gtttactttg ccgaagaggt tcagtgcgaa 180
 ggcaacagct tccataaatc ctgcttcctg tgcatggtct gcaagaagaa tctggacagt 240
 accactgtgg ccgtgcatgg tgaggagatt tactgcaagt cctgctacgg caagaagtat 300
 gggcccaaag gctatggcta cgggcagggc gcaggcacc tcagcactga caagggggag 360

DE 198 16 395 A 1

cctccaccac	cagcaactat	gagacccaga	ctttctcatc	caagactgag	tgagggtgca	1800	
gggcatctc	tgctgccaac	ctgcacctaa	ggaccaatca	catctatgtt	tcctctgacg	1860	
acatcaagga	gactggctac	acctacatcc	ttcccaagaa	tgtgcttaag	aagttcatct	1920	
gcatactga	ccttcgggcc	caaattgcag	gatacctata	tggggtgagc	ccaccagata	1980	5
acccccaggt	gaaggagatc	cgctgcattg	tgatggtgcc	gcagtggggc	actcaccaga	2040	
ccgtgcacct	gcctggccag	ctgccccagc	atgagtacct	caaggagatg	gaacccttag	2100	
gttggatcca	cactcagccc	aatgagtccc	cgcagttatc	accccaggat	gtcaccaccc	2160	
atgccaagat	catggctgac	aacccatctt	gggatggcga	gaagaccatt	atcatcacat	2220	
gcagcttcac	gccaggctcc	tgtacactga	cggcctacaa	gctgaccccc	agtggctacg	2280	10
aatggggccg	ccagaacaca	gacaaggcca	acaaccccaa	gggtacctg	ccttcacact	2340	
atgagaggg	gcagatgctg	ctgtcggacc	gtttccttgg	cttcttcatt	gtccctgccc	2400	
agtcctcgtg	gaactacaac	ttcatgggtg	ttcggcatga	ccccaacatg	aaatatgagc	2460	
tacagctggc	gaaccccaaa	gagttctacc	acgaggtgca	caggccctct	cacttcctca	2520	15
actttgctct	cctgcaggag	ggggagggtt	actctgcgga	tcgggaggac	ctgtatgcct	2580	
gaccgtttcc	ctgcctcctg	cttcagcctc	ccgaggccga	agcctcagcc	cctccagaca	2640	
ggccgctgac	attcagcagt	ttggcctctt	tcctctgtgc	tgtgcttggt	ttgttgacct	2700	
cctgatggct	tgctatcctg	aataaaatat	aataataaat	tttgtataaa	taggaaaaaa	2760	
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaa					20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:95:

gcatggtgtg	aaaggccaag	tgctgaggcg	ggtatcatgg	gtgctgtgcc	ctagggcctg	60
ggtggcaggg	ggtgggtggc	ctgtgggtgt	gcccgggggg	ccagtgtgcc	cacccagtc	120
tcttgccgtg	ctggagggca	tcctggatgg	aattgaagtg	aatggaacag	aagccaagca	180
aggtggagtg	tggttcagac	ccagaggaga	acagtgccag	gtccaccagat	ggaaagcgaa	240
aaagaaagaa	cggccaatgt	tccttgaaaa	ccagcatgtc	agggatatatc	cctagttacc	300
tggaacaaaga	cgagcagtgt	gtcgtgtgtg	gggacaaggc	aactggttat	cactaccgct	360
gtatcacttg	tgagggtgc	aagggtctct	ttcggccgac	aatccagaag	aacctccatc	420
ccacctattc	ctgcaaatat	gacagctgct	gtgtcattga	caagatcacc	cgcaatcagt	480
gccagctgtg	ccgcttcaag	aagtgcacg	ccgtgggcat	ggccatggac	ttggttctag	540
atgactcgaa	gcgggtggcc	aagcgtaact	gattgagcag	aaccggggagc	ggcggcgga	600
ggaggagatg	atccgatcac	tgcagcagcg	accagagccc	actcctgaag	agtgggatct	660
gatccacatt	gccacagagg	cccatcgag	caccaatgcc	cagggcagcc	attggaaaca	720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:94:

```

35  aggccctggg cgggtgtgaa ggcattctgg gacacacact ctttaagggc actgacttcc 60
    ctacctggga ggggcttttc taggagaagg ccagtggcct tgaggaatct atgaagtgga 120
    agaagctaac taatgctcag cgatcaggac tgaaccagat tccaatcgt agattcacc 180
    tctggtggtc cccgaccatt aatcgagcca atgtatatgt aggccttcag gtgcagctag 240
    acctgacggg tatcttcatt caccggcaaga tccccacgct gaagatctct ctcatccaga 300
    tcttccgagc tcaacttgtg cagaagatcc atgagagcat tgttatggac ttatgtcagg 360
    tgtttgacca ggaacttgat gcaactggaaa ttgagacagt acaaaaggag acaatccatc 420
    cccgaaagtc atataagatg aactcttctt gtgcagatat cctgctcttt gcctcctata 480
    agtggaaatgt ctcccgggcc tcatttctgg ctgactccaa ggatgtgatg gacagcacca 540
    ccacccagaa atactggatt gacatccagt tgcgctgggg ggactatgat tcccacgaca 600
    ttgagcgcta cgcccgggcc aagttcctgg actacaccac cgacaacatg agtatctacc 660
    cttcgcccac aggtgtactc atcgccattg acctggccta taacttgcac agtgcctatg 720
    gaaactgggt cccaggcagc aagcctctca tacaacaggc catggccaag atcatgaagg 780
    caaaccttgc cctgtatgtg ttacgtgaac ggatccgcaa ggggctacag ctctattcat 840
    ctgaaccacac tgagccttat ttgtcttctc agaactatgg tgagctcttc tccaaccaga 900
    ttatctgggt tgtggatgac accaactgtc acagagtgcac tattcacaag acctttgaag 960
    ggaacttgac aaccaagccc atcaacggag ccatcttcat cttcaaccca cgcacagggc 1020
    agctgttctc caagataatc cacacgtccg tgtgggcggg acagaagcgt ttggggcagt 1080
    tggctaagtg gaagacagct gaggaggtgg ccgccctgat ccgatctctg cctgtggagg 1140
    agcagcccaa gcagatcatt gtcaccagga agggcatgct ggacccactg gaggtgcact 1200
    tactggactt ccccaatatt gtcacaaag gatcgagct ccaactccct ttccaggcgt 1260
    gtctcaagggt ggaaaaatc ggggatctca tccttaaagc cactgagccc cagatgggtc 1320
    tcttcaacct ctatgacgac tggctcaaga ctatttcac ttacacggcc ttctcccgtc 1380
    tcatcctgat tctgcgtgcc ctacatgtga acaacgatcg ggcaaaagt atcctgaagc 1440
    cagacaagac tactattaca gaaccacacc acatctggcc cactctgact gacgaagaat 1500
    ggatcaagggt cgaggtgcag ctcaaggatc tgatcttggc tgactacggc aagaaaaaca 1560
    atgtgaacgt ggcatactg acacaatcag aaattcgaga catcatcctg ggtatggaga 1620
    tctcggcacc gtcacagcag cggcagcaga tcgctgagat cgagaagcag accaaggaac 1680
65  aatcgagct gacggcaaca cagactcgca ctgtcaacaa gcatggcgat gagatcatca 1740

```

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:93:

ccggtagcc ttcggggtgt ccgcgtgaga attggctata tcctggagcg agtgctggga 60
 ggtgctagtc cgccgcgcct tattcgagag gtgtcagggc tgggagacta ggatgtcggg 120
 cacgtggagc tctatccagg cccacaagaa gcagctggac tctctgcggg agaggctgca 180
 gcggaggcgg aagcaggact cggggcactt ggatctacgg aatccagagg cagcattgtc 240
 tocaaccttc cgtagtgaca gcccagtgcc tactgcaccc acctctgggtg gccctaagcc 300
 cagcacagct tcagcagttc ctgaattagc tacagatcct gagttagaga agaagttgct 360
 acaccacctc tctgatctgg ccttaacatt gccactgat gctgtgtcca tctgtcttgc 420
 catctccacg ccagatgctc ctgccactca agatggggtg gaaagcctcc tgcagaagtt 480
 tgcagctcag gagttgattg aggtaaagcg aggtctccta caagatgatg cacatcctac 540
 tcttgaacc tatgtcgacc attccaagct ctctgccatg atgggtgctg tggcagaaaa 600
 gaagggccct ggggaggtag cagggactgt cacagggcag aagcggcgctg cagaacagga 660
 ctcgactaca gtagctgcct ttgccagttc gttagtctct ggtctgaact cttcagcatc 720
 ggaaccagca aaggagccag ccaagaaatc aaggaaacat gctgcctcag atgttgatct 780
 ggagatagag agccttctga accaaccagtc cactaaggaa caacagagca agaaggtcag 840
 tcaggagatc ctagagctat taaatactac aacagccaag gaacaatcca ttgttgaaaa 900
 atttcgctct cgaggtcggg cccaagtgc aagaattctgt gactatggaa ccaaggagga 960
 gtgcatgaaa gccagtgatg ctgatcgacc ctgtcgcaag ctgcacttca gacgaattat1020
 caataaacac actgatgagt ctttaggtga ctgctcttcc ctttaatacat gtttccacat1080
 ggatacctgc aagtatgttc actatgaaat tgatgcttgc atggattctg aggccctgg1140
 cagcaaagac cacacgccaa gccaggagct tgctcttaca cagagtgtcg gaggtgattc1200
 cagtcagac cgactcttcc cacctcagtg gatctgttgt gatatccgct acctggacgt1260
 cagtatcttg ggcaagtttg cagttgtgat ggctgaccca ccctgggata ttcacatggal320
 actgccctat gggaccctga cagatgatga gatgcgagg ctcaacatac ccgtactaca1380
 ggatgatggc tttctcttcc tctgggtcac aggcagggcc atggagttgg ggagagaatg1440
 tctaaacctc tgggggtatg aacgggtaga tgaaattatt tgggtgaaga caaatcaact1500
 gcaacgcate attcggacag gccgtacagg tcaactgggtg aacctggga aggaacactg1560
 cttggttggg gtcaaaggaa atccccagg cttcaaccag ggtctggatt gtgatgtgat1620
 cgtagctgag gtctgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca tgattgaaag1680
 actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttggacga ccacacaatg tgcaacccaa1740
 ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctagaccag atgtggttgc1800
 acggttcaag caaagggtacc cagatggat catctctaaa cctaagaatt tatagaagca1860
 cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct gaagagtgtat1920
 atttgtacaa tagctttctt ctttattttaa ataaacattt gtattgtagt tgggattctg1980
 aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca tctctcagta2040
 ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggtgctgt gaaggttcaa actaaatgag2100
 tgcattggga acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtggctcac acctgtaate2160
 cgagcacttt gggaagccga ggtaggaggg taactgtagc ccaggagttc aagactagac2220
 tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 2260

30

35

40

45

50

55

60

65

ggccgatcgg ttagacctgg aggagctgag caaagatgag gccagtgaga tggagaaggc 60
 tgtggagtcg gtggttcggg agagcctgag caggcaacgc agcccagcgc ctggcagccc 120
 agatgaggaa ggtggagcgg agggcccggc tgctggcatt cgcttcaggc cttggggccac 180
 5 ccgggagctg tacatccctt caggcgagag cgagggttgc ggtggggcct ctacagctc 240
 gggacagcgc actccccagg gccagtgtc ggccactgtg gaggtcagca gccccacagg 300
 ctttgccag tcacaggtgc tggaggatgt gagccaggct gcaaggcaca taaaactcgg 360
 cccctctgaa gtctggagga ctgagcgaat gtcatatgaa ggaccactg cagaagtgg 420
 10 ggagatggat gtgagtaacg tagaggcgat ccgcagccgg acacaggaag cgggagctct 480
 cgggtgtgtc gaccgtgggt cctggagaga cgcgacagt aggaatgacc aggcagttg 540
 tgtgagcttt aaggcctctg ctggggaagg agaccaggcc cacagagaac agggcaagga 600
 gcaggccatg tttgataaga aggtgcagct ccagagaatg gtagaccaa ggtcggtgat 660
 ttcagatgaa aagaaagtgt ccctcctcta tctagacaat gaggaggagg agaattgatg 720
 15 gcattggttt taataagcag aaacattttg ttttaattgg agcctgttgg cgacgtgcca 780
 acatccaaag gccttaactt attttaagag gccgaggagg tctatgaaaa tctccccttt 840
 tttacttttt taaagagtac tcccggcatg gtcaatttcc tttatagtta atccgtaaag 900
 gtttccagtt aattcatgcc ttaaaaggca ctgcaatttt atttttgagt tgggactttt 960
 acaaaacact tttttccctg gagtcttctc tccactctcg gagatgaatt tctatgtttt 1020
 20 gcacctggtc acagacatgg ctgtcatctg tttgaaacta caattaatta tagatgtcaa 1080
 aacattgaac agattaaagt aatatattta agagttaaatt ttgcttgcat gtgctaatat 1140
 gaaataacag actaacattt taggggaaaa ataaatacaa tttagactct aaaaagtctt 1200
 ttcaaaaaga aatgggaaat aggcagactg tttatgttaa aaaaattctt gctaaatgat 1260
 25 ttcactttta ggaaaaaatt acttgccata tagagctaaa ttcacttaa gacttgaatg 1320
 aattgctttc tatgtacaga actttaacaa atatagtatt tatggcgagg acagctgtag 1380
 tctgttgtga tatttcacat tctatttgca caggttccct ggccactggt aagtagcaca 1440
 ttattgggaa tcgcttacag taccatttca ttttttggca ctaggtcatt aagtagcaca 1500
 cagtctgaat gcccttttct ggagtggcca gttcctatca gactgtgcag acttgcgctt 1560
 30 ctctgcacct tatcccttag caccacaaaca ttttaatttca ctggtgggag gtagaccttg 1620
 aagacaatga agagaatgcc gatactcaga ctgcagctgg accggcaagc tggctgtgtal 1680
 caggaaaatt ggaagcacac agtggactgt gcctcttaaa gatgcctttc ccaaccctcc 1740
 attcatggga tgcaggtctt tctgagctca aggttgaaag atgaatacaa taacaaccat 1800
 gaaccacact cacggaagct ttttttgcac tttgaacaga agtcattgca gttggggtgt 1860
 35 tttgtccagg gaaacagttt attaaataga aggatgtttt ggggaaggaa ctggatatct 1920
 ctctgcagc ccagcaccga gatacccagg acgggcctgg ggggcgagaa agggccccat 1980
 gctcatgggc cgcgagtggt ggacctgtag ataggcacca ccgagttaa gatactggga 2040
 tgagcatgct tcattggatt cattttatatt tacacgtcag tattgtttta aagtttctgt 2100
 40 ctgtaaagtg tagcatcata tataaaaaga gtttcgctag cagcgcatth ttttttagtt 2160
 aggctagctt ctttcacata atgctgtctc agctgtatth ccagtaacac agcatcatcg 2220
 cactgactgt ggcgcactgg ggaataacag tctgagctag caccaccctc agccaggcta 2280
 caacgacagc actggagggt cttccctctc agattcacct ggaggccctc agacccccag 2340
 ggtgcacgtc tcccagggtc ctgggagtggt ctaccgcagt agtttctgga gagcacgttt 2400
 45 tcttcattga taagtggagg agaaatgcag cacagctttc aagatactat tttaaaaaca 2460
 ccatgaatca gatagggaaa gaaagtgtgat tggaaatggca agtttaaacc tttgtgtcc 2520
 atctgccaaa tgaactagtg attgtcagac tggatggag gtgactgctt tgtaaggttt 2580
 tgtcgtttct aatacagaca gagatgtgct gattttgttt tagctgtaac aggtaatgg 2640
 50 ttttgatag atgattgact ggtgagaatt tggtaagggt gacagcctcc tgtctgatga 2700
 caggacagac tgggtggtgag gagtctaagt gggctcagtt tgatgtcagt gtctgggctc 2760
 atgacttgta aatggaagct gatgtgaaca ggtaattaat attatgaccc acttctatth 2820
 actttgggaa atatcttgga tcttaattat catctgcaag tttcaagaag tattctgcca 2880
 aaagtattta caagtatgga ctcatgagct attgttggtt gctaaatgtg aatcacgcgg 2940
 55 gagtgagtg gcccctcaca ctgtgacatt gtgacattgt gacaagctcc atgtccttta 3000
 aaatcagtca ctctgcacac aagagaaatc aacttcgtgg ttggatgggg ccggaacaca 3060
 accagtcttt ttgtatttat tgttactgag acaaaacagt actcactgag tgtttttcag 3120
 tttcctactg gtgggttttga tattgtttgt ttaagatgta tatttagaat gacatcatct 3180
 aagaagctga ttttgctaaa ctctgttcc ctacaatggg aaatgtcaca agaattgtga 3240
 60 aaaataaaaa tctgaggaaa aaacccaaaa aattcctaaa gagaatg 3287

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

65

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2260 Basenpaare

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:91:

```

gccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
aaccccgacc ggcactttaa tttcggggaa aaaccgtatt ttttcttgtt ccaattat 180
ctaaagacac actacataga aagaggccct ataaactcaa aaagtcattg ggaaacttaa 240
agtctattct actttgcaag aggagaaatg tgttttatga acgatagatc acatcagaac 300
tcctgtgggg aggaaacctt ataaattaaa cacatggccc ccttagagac cacaggcgat 360
gtctgtctcc atccttccct ctccttttct gtcaccttcc cccctagctg gtccttttgg 420
acctaccctt gtccttgctg acttggtgtg cattgtattc caaacgtgtt tacaggttct 480
cttaagcaat gttgtatttg caggcttttc tgaataccaa atctgctttt tgtaaagcgt 540
aaaaacatca caaagtaggt cattccatca ccacccttgc ctctctacac attttgcctt 600
tggggatctg gttggggttt tgggtttttt gttgttggtg tttatttgtt attttaaagg 660
taaattgcac ttttaaaaaa ataattggtt gacttaatat atttgctttt tttctcacct 720
gcacttagag gaaatttgaa caagttggaa aaaaacaatt tttgtttcaa ttctaagaaa 780
cacttgacgc tctagtattc acttgagtct tcctgttttt cctgtaccgg gtcattggtaa 840
tttttggttg ttttggttgt tttcttaaaa aacaagttaa aacctgacga tttctgcagg 900
ctgtgtaagc atgtttacct gttggttgct tttgtgtgtc tgttaaataa atgtcatatg 960
taaatgctaa aataaatcga cagtgtctca gaactgaata actgcagtga cttgatgctc 1020
taaaacagtg taggatttaa gaatagatgg tttttaatcc tggaaattgt gattgtgacc 1080
catgagtgga ggaactttca gttctaaagc tgataaagtg tgtagccaga agagtacttt 1140
tttttttgta accactgtct tgatggcaaa ataattatgg taaaaaaca gtctcgtgtt 1200
tattattcct taagaactct gtgttatatt accatggaac gcctaataaa gcaaatgtgt 1260
gttgtttcaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaacaagaa agccaagact tccag 1315

```

10

15

20

25

30

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3287 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:92:

```

gatagactac tgtgcctcat ctaatcacgg atgtcagcac gagtgtgtta acacagatga 660
ttcctattcc tgccactgcc tgaagggtt taccctgaat ccagataaga aaacctgcag 720
aaggatcaac tactgtgcac tgaacaaacc gggctgtgag catgagtgcg tcaacatgga 780
5 ggagagctac tactgccgct gccaccgtgg ctacactctg gaccccaatg gcaaaacctg 840
cagccgagtg gaccactgtg cacagcagga ccatggctgt gagcagctgt gtctgaacac 900
ggaggattcc ttcgtctgcc agtgctcaga aggcttcctc atcaacgagg acctcaagac 960
ctgctcccgg gtggattact gcctgtctgag tgaccatggg tgtgaatact cctgtgtcaal1020
10 catggacaga tcctttgcct gtcagtgtcc tgaggacac gtgctccgca gcgatgggaal1080
gacgtgtgca aaattggact cttgtgtctc gggggaccac ggttgtgaac attcgtgtgt1140
aagcagtga gattcgtttg tgtgccagt ctttgaaggt tatatactcc gtgaagatgg1200
aaaaacctgc agaaggaaag atgtctgcca agctatagac catggctgtg aacacatttg1260
tgtgaacagt gacgactcat acacgtgcga gtgcttggag ggattccggc tcgctgagga1320
15 tgggaaacgc tgccgaagga aggatgtctg caaatcaacc caccatggct gcgaacacat1380
ttgtgttaat aatgggaatt cctacatctg caaatcaacc gagggatttg ttctagctga1440
ggacggaaga cgggtgcaaga aatgcactga aggcccaatt gacctggtct ttgtgatcga1500
tggtatccaag agtcttggag aagagaattt tgaggtcgtg aagcagtttg tcactggaat1560
tatagattcc ttgacaattt ccccaaaagc cgctcgagt gggctgctcc agtattccac1620
20 acaggtccac acagagttca ctctgagaaa cttcaactca gccaaagaca tgaaaaaagc1680
cgtggcccac atgaaataca tgggaaaggg ctctatgact gggctggccc tgaaacacat1740
gtttgagaga agttttaccc aaggagaagg ggccaggccc ctttcacaa ggggtgccag1800
agcagccatt gtgttcaccg acggacgggc tcaggatgac gtctccgagt gggccagtaa1860
25 agccaaggcc aatggtatca ctatgtatgc tgttggggtg ggaaaagcca ttgaggagga1920
actacaagag attgcctctg agcccacaaa caagcatctc ttctatgccg aagacttcag1980
cacaatggat gagataagtg aaaaactcaa gaaaggcatc tgtgaagctc tagaagactc2040
cgatggaaga caggactctc cagcagggga actgccaaaa acggtccaac agccaacagt2100
gcaacacaga tatctgtttg aagaagacaa tcttttacgg tctacacaaa agctttccca2160
30 ttcaacaaaa ctttcaggaa gccctttgga agaaaaacac gatcaatgca aatgtgaaaa2220
ccttataatg ttccagaacc ttgcaaacga agaagtaaga aaattaacac agcgcttaga2280
agaaatgaca cagagaatgg aagccctgga aaatcgctg agatacagat gaagattaga2340
aatcgcgaca ctttgtagt cattgtatca cggattācaa tgaacgcagt gcagagcccc2400
aaagctcagg ctattgttaa atcaataatg ttgtgaagta aaacaatcag tactgagaaa2460
35 cctggtttgc cacagaacaa agacaagaag tataactaa cttgtataaa tttatctagg2520
aaaaaaatcc ttcagaattc taagatgaat ttaccagggtg agaatgaata agctatgcaa2580
ggtattttgt aatatactgt ggacacaact tgcttctgcc tcatcctgcc ttagtggtgca2640
atctcatttg actatacgat aaagtttgca cagtcttaact tctgtagaac actggccata2700
40 ggaaatgctg tttttttgta ctggacttta ccttgatata tgtatatgga tgtatgcata2760
aaatcatagg acatatgtac ttgtggaaca agttggattt tttatacaat attaaaattc2820
accacttcag agaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2863

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

```

ggctccggtt cccgctgccc ctccagcctc atcctcagac cctgcggcag cagcggtgc 180
aactgcggct cctggccaga ccccgccctc agcgcaagtc cagcgagac cccagcgccc 240
gctctgcctg gtccctgctct tccagggccc ttccccggcg gccgcgtggt caggtcgac 300
ccagtcattt tggcctccat tgtggacagc tacgagagac gcaacgaggg tgetgcccga 360
gttatcggga cctgttggtg aactgtcgac aaacactcag tggaggtcac caattgcttt 420
tcagtgcgcg acaatgagtc agaagatgaa gtggctgttg acatggaatt tgctaagaat 480
atgtatgaac tgcataaaaa agtttctcca aatgagctca tectgggctg gtacgctacg 540
ggccatgaca tcacagagca ctctgtgctg atccatgagt actacagccg agaggccccc 600
aaccatcc acctcactgt ggacacaagt ctccagaacg gccgcatgag catcaaagcc 660
tacgtcagca ctttaatggg agtccctggg aggaccatgg gagtgatgtt cagcctctg 720
acagtgaat acgctacta cgacactgaa cgcatcggag ttgacctgat catgaagacc 780
tgcttttagcc ccaacagagt gattggactc tcaagtgact tgcagcaagt aggaggggca 840
tcagctcgca tccaggatgc cctgagtaca gtgttgcaat atgcagagga tgtactgtct 900
ggaaaggtgt cagctgacaa tactgtgggc cgcttcctga tgagcctggt taaccaagta 960
ccgaaaatag ttcccgatga ctttgagacc atgctcaaca gcaacatcaa tgaccttttg 1020
atggtgacct acctggccaa cctcacacag tcacagattg cactcaatga aaaacttgta 1080
aacctgtgaa tggaccccaa gcagtacact tgctgtgcta ggtattaacc ccaggactca 1140
gaagtgaagg agaaatgggt tttttgtggt cttgagtcac actgagatag tcagttgtgt 1200
gtgactctaa taaacggagc ctaccttttg taaattttaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aaaagaacgg                                     1270

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:90:

```

gccacgggtc ataatgatcg tgacagatgg gagacctcag gactccgtgg ccgaggtggc 60
tgctaaggca cgggacacgg gcatcctaatt ctttgccatt ggtgtggggc aggtagactt 120
caacaccttg aagtccattg ggagttagcc ccatgaggac catgtcttcc ttgtggccaa 180
tttcagccag attgagacgc tgacctccgt gttccagaag aagttgtgca cggccacat 240
gtgcagcacc ctggagcata actgtgccca cttctgcac aacatccctg gctcatacgt 300
ctgcaggtgc aaacaaggct acattctcaa ctcgatcag acgacttgca gaatccagga 360
tctgtgtgcc atggaggacc acaactgtga gcagctctgt gtgaatgtgc cgggctcctt 420
cgtctgccag tgctacagtg gctacgccct ggctgaggat gggagaggt gtgtggctgt 480
ggactactgt gcctcagaaa accacggatg tgaacatgag tgtgtaaatg ctgatggctc 540
ctacctttgc cagtgccatg aaggatttgc tcttaacca gataaaaaaa cgtgcacaaa 600

```

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:88:

20 cccagagcct tctgggtagc ggtttaaccc cgcctctggc gtcggcgcc tccctttcct 60
 ccctgtcgcc accgaggtcg caccgctgag acttctccgc cgcagacgcc gccgcgatgc120
 gctacgtcg ctcctacctg ctggctgccc tagggggcaa ctctccccc agcgccaagg180
 acatcaagaa gatcttgac agcgtgggta tcgaggcgga cgacgaccgg ctcaacaagg240
 25 ttatcagtga gctgaatgga aaaaacattg aagacgtcat tgcccagggt attggcaagc300
 ttgccagtgt acctgctggg ggggctgtag ccgtctctgc tgcccaggc tctgcagccc360
 ctgctgctgg ttctgcccct gctgcagcag aggagaagaa agatgagaag aaggaggagt420
 ctgaagagtc agatgatgac atgggatttg gcctttttga ttaaattcct gctcccctgc480
 aaataaagcc tttttacaca tctaaaaaaa a 511

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:89:

65 tttttttctc gacaagatgg ccacaccggc ggtaccagta agtgctctc cggccacgcc 60
 aaccccagtc ccggcggcgg cccagcctc agttccagcg ccaacgccag caccggctgc 120

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:87:

10

```

gccccagcca ccagctactg tgtggagtgc tcggagcctc tgtgtgagac ctgtgtagag 60
gcggccaaag cccgccccaa aaggggcccgg ggtgaagtac accaaggacc atactgtgcg 120
ctctactggg ccagccaagt ctcgggatgg tgaacgtact gtctattgca acgtacacaa 180
gcatgaaccc cttgtgctgt tttgtgagag ctgtgatact ctcacctgcc gagactgcca 240
gctcaatgcc cacaaggacc accagtacca gttcttagag gatgcagtga ggaaccagcg 300
caagtcctgg cctcactggt gaagcgcctt ggggacaaac atgcaacatt gcagaagagc 360
accaaggagg ttgcgagctc aatccgccag gtgtctgacg tacagaagcg tgtgcaagtg 420
gatgtcaaga tggccatcct gcagatcatg aaggagctga ataagcgggg ccgtgtgctg 480
gtcaatgatg ccagaaggt gactgagggg cagcaggagc gcctggagcg gcagcactgg 540
accatgacca agatccagaa gcaccaggag cacattctgc gctttgcctc ttgggctctg 600
gagagtgaac acaacacagc ccttttgctt tctaagaagt tgatctactt ccagctgcac 660
cgggcccctc agatgattgt ggatcccgtg gagccacatg gcgagatgaa gtttcagtgg 720
gacctcaatg cctggaccaa gagtgccgag gcctttggca agattgtggc agagcgtcct 780
ggcactaact caacaggccc tgcacctatg gccctccaa gagccccagg gccctgagc 840
aagcagggct ctggcagcag ccagcccatt gaggtgcagg aaggetatgg ctttgggtca 900
ggagatgata cctactcaag tgcagagccc catgtgtcag gtgtgaaacg gtcccgtc 960
gggtgagggc aggtgagcgg ctttatgcgc aaggtgccac gactgagcct tgaacgcctg 1020
gacctggacc tcacagctga cagccagcca cccgtcttca aggtcttccc aggcagtacc 1080
actgaggact acaaccttat tgttattgaa cgtggcgctg ccgtgcagc taccggccag 1140
ccagggaact cgctgcagg aaccctggt gccccacccc tggtggcat ggccattgtc 1200
aaggaggagg agacggaggc tgccattgga gccctccta ctgccactga gggccctgag 1260
accaaacctg tgcttatggc tcttgccggg ggtcctggtg ctgagggtcc ccgctggcc 1320
tcacctagtg gcagcaccag ctccagggtg gaggtgggtg ctccagaggg tacctcagcc 1380
ccagggtgtg gcccggaac cctggatgac agtgccacca tttgccgtgt ctgccagaag 1440
ccaggcgatc tggttatgtg caaccagtgt gaggttttgt tccacctgga ctgtcacctg 1500
ccggccctgc aggtatgacc aggggaggag tggagctgct cactctgcca tgtgctccct 1560
gacctgaagg agggagatgg cagcctcagc ctggatgggt cagacagcac tggcgtgggt 1620
gccaagctct caccagccaa ccagcggaaa tgtgagcgtg tactgctggc cctattctgt 1680
cacgaacctt gccgccccct gcatcagctg gctaccgact ccacctctc cctggaccag 1740
cccgggtggc cctggatct gacctgata cgtgcccggc tccaggagaa gttgtcacct 1800
ccctacagct cccacagga gtttgcccag gatgtggggc gcatgttcaa gcaattcaac 1860
aagttaactg aggacaaggc agacgtgcag tccatcatcg gcctgcagcg cttcttcgag 1920
acgcgcatac acgaggcctt cgggtgacac aagttctctg ctgtgctggg ggagcccccg 1980
ccgatgagcc tgccctggtg tggcctgagt tcccaggagc tgtctggtgg ccctggtgat 2040
ggccccctgag gctggagccc ccatggccag cccagcctgg ctctgttctc tgtcctgtca 2100
ccccatcccc actcccctgg tggcctgact cccactccct ggtggcccca tccccagtt 2160
cctcacgata tggtttttac ttctgtggat ttaataaaaaa cttcaccagt taaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 2264

```

15

20

25

30

35

40

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 511 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:86:

```

5  ggacaaacac ggacagtatc tcatcgggca tggactaag gtctacatcg accccttcac 60
   ttatgaagac cctaagtagg ctgtgaggga atttgcaaaa gagatcgatg tctcctacgt 120
   caagattgaa gaggtgattg gtgcagggtg gtttgccgag gtgtgccggg ggccggtcaa 180
   ggccccaggg aagaaggaga gctgtgtggc aatcaagacc ctgaagggtg gctacacgga 240
   gcggcagcgg cgtgagtttc tgagcgaggc ctccatcatg ggccagttcg agcaccctaa 300
10  tatcatccgc ctggaggggc tggtcaccaa cagcatgccc gtcattgattc tcacagagtt 360
   catggagaac ggccgcttgg actccttctt ggggctaaac gacggacagt tcacagtcac 420
   ccagctcgtg ggcatgctgc ggggcatcgc ctccggcatg cggtagcttg ccgagatgag 480
   ctacgtccac cgagacctgg ctgctcgcaa catcctagtc aacagcaacc tcgtctgcaa 540
   agtgtctgac tttggccttt cccgattcct ggaggagaac tcttccgata ccacctacac 600
15  gagctccctg ggaggaaaga ttcccatccg atggactgcc ccggaggcca ttgccttccg 660
   gaagttcact tccgccagtg atgcctggag ttacgggatt gtgatgtggg aggtgatgtc 720
   atttggggag aggccgtact gggacatgag caatcaggac gtgatcaatg ccattgaaca 780
   ggactaccgg ctgccccccg cccagactg tcccacctcc ctccaccagc tcatgctgga 840
20  ctgttggcag aaagaccgga atgcccggcc ccgcttcccc cagggtggtc ggcacctgga 900
   caagatgatc cggaaccccc ccagcctcaa aatcgtggcc cgggagaatg gcggggcctc 960
   acacctctc ctggaccagc ggcagcctca ctactcagct tttggctctg tgggcgagtg 1020
   gcttcggggc atcaaaatgg gaagatacga agaaagtttc gcagccgctg gctttggctc 1080
   cttcgagctg gtcagccaga tctctgctga ggacctgtc cgaatcggag tcactctggc 1140
25  gggacaccag aagaaaatct tggccagtgt ccagcacatg aagtcccagg ccaagccggg 1200
   aaccccggtt gggacaggag gaccggcccc gcagtactga cctgcaggaa ctccccaccc 1260
   cagggaacac gcctccccat tttccggggc agagtgggga ctacagagg cccccagccc 1320
   tgtgccccgc tggattgcac tttgagcccg tggggtgagg agttggcaat ttggagagac 1380
30  aggatttggg ggttctgcca taataggagg ggaatcac ccccagcca cctcgggga 1440
   ctccagacca aggttgaggg cgcttctccc tcaggactgg gtgtgaccag aggaaaagga 1500
   agtgcctaac atctcccagc ctccccaggt gccccctca ccttgatggg tgcgttcccg 1560
   cagaccaaag agagtgtgac tcccttgcca gctccagagt gggggggctg tcccaggggg 1620
   caagaagggg tgtcaggggc cagtgaacaa atcattgggg tttgtagtcc caactgtctg 1680
35  ctgtcaccac caaactcaat catttttttc cctgtataat gccctcccc cagctgctgc 1740
   cttcatattg aaggtttttt agttttgttt ttggtcttaa tttttctccc cgttcccttt 1800
   ttgtttcttc gttttgtttt tctaccgtcc ttgtcataac tttgtgttgg agggaacctg 1860
   tttcactatg gcctcctttg cccaagttga aacaggggcc catcatcatg tctgtttcca 1920
   gaacagtgcc ttggtcatcc cacatccccg gacccgcctt gggaccccca agctgtgtcc 1980
40  tatgaagggg tgtggggtga ggtagtgaag agggcggtag ttggtggtgg aaccagaaa 2040
   cggacgccgg tgcttgaggg ggttctttaa ttatatataa aaaagtaact tttgtataa 2100
   ataaaagaaa atgggacgtg tacaagctcc aggaaaaaaa aaaaaaaa aaaaactcgt 2160
   agactagttc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:85:

```

ggccagccct gggggcgctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcacgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccocgaag ccatggcaag120
caagggttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcaggtcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggattcggg aaaaaattcg gcctcctgaa atgacagcag ggagacttgg360
gtcggcctcc tgaaatgata gcaggagagac ttgggtgacc ccccttccag gcgccatcta420
gcacagcctg gccctgatct ccgggcagcc accacctcct cggctgccc cctcattaaa480
attcacgttc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttttg 519

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

gaagaataaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa aaggggaagg aggggagagt gttggagaga1560
ggaggg 1566

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1047 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:84:

40

```

actcgcagac gcgcgcgcgc tctcggcgtc gctctggact ggcgcaggcg caagccggca 60
agatggcggc ggctggggct ggccgtctga ggcgggtggc atcggctctg ctgctgcgga 120
ccccgcctg cccgcccggg agctgtcggc cccggcccga ctctatcaca agaaggttgt 180
tgatcattat gaaaatccta gaaacgtggg gtcccttgac aagacatcta aaaatggttg 240
aactggactg gtgggggctc cagcatgtgg tgacgtaatg aaattacaga ttcaagtggg 300
tgaaaagggg aagattgtgg atgctagggt taaaacattt ggctgtgggt ccgcaattgc 360
ctccagctca ttagccactg aatgggtgaa aggaaagacg gtggaggaag ccttgactat 420
caaaaacaca gatatcgcca aggagctctg ccttcctccc gtgaaactgc actgctccat 480
gctggctgaa gatgcaatca aggccgccct ggctgattac aaattgaaac aagaacccaa 540
aaaaggagag gcagagaaga aatgagccct ccctcggcga aacctccagc aggccacacc 600
agctgtttcc cacctgctgt gcagtcacct tagatgttca gaagccgctt cctctccact 660
gaagagctat gagatacgca caatacttgc tgttcacgtt atgactctca tgcaagcaaa 720
atacacagtt tcattgttct gaatcctgtg gtttctttca gccactttt atcgccttaa 780
cctagttaat gtatattttg aattgtgtgt atgacctcag aactgaaatt gataatgaag 840
ttgcaagttt tgatagcccg tgaagtgc atagtatctaa ttttacctga attgatttgg 900
ggggaaatta ccagtagaat gccttggtct gaatatttga tagaaccaat tgttgtacat 960
aaaacagatc tgcgcatata tatatatgta taaaaataa taaaataatg gaagatgaaa1020
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1047

```

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 519 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

ggccccgagat gtgacccacc agtgccttct gtctgctcgt tagctttaat caatcatgcc360
 ctgccttgtc cctctcactc cccagcccca cccctaagtg cccaaagtgg ggagggacaa420
 gggattctgg gaagcttgag cctcccccac agcaatgtga gtcccagagc ccgcttttgt480
 tcttccccac aattccatta ctaagaaaca catcaaataa actgactttt tccccccaaa540
 aaaagctctt cttttttaat ataaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaa 595

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1566 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:83:

40

gcgttccgctc ctgaggcgcg cccgccccgg ggtaagctcg cgccgcccgcg tcaactcagcg 60
 ctgggtctct cgtccccgca gccgtgagga ggacggctctg catactcgct gcccgccggc 120
 tccctcccc gcgtccctgc gaccgcccgc gcgaagatgg cctcaggagt gcaagtagct 180
 gatgaagtat gtgcattttt ttatgacatg aaagtctgta aatgctccac accagaagaa 240
 atcaagaaaa gaaagaaggc tgtcattttt tgtctcagtg cagacaaaaa gtgcatcatt 300
 gtagaagaag gcaaagagat cttgggttga gatgttggtg taaccataac tgatcctttc 360
 aagcattttg tgggaatgct tcctgaaaaa gattgtcgct atgctttgta tgatgcaagc 420
 tttgaaacaa aagaatccag aaaagaagag ttgatgtttt ttttgtgggc accagaacta 480
 gcacctctga aaagtaaaat gatctatgca agctccaagg atgcaattaa aaagaaattt 540
 caaggcataa aacatgaatg tcaagcaaat ggaccagaag atctcaatcg ggcttgtatt 600
 gctgaaaagt taggtggatc cttaattgta gcctttgaag gatgcctgt gtagattatt 660
 cagtgccaca aattgaaagc ttccatgttt aatgttatcc tcttgctata taaataaagc 720
 aaatatattt aggccagggt ctcactgagg gggagctgtc ttgtcatctt ttagagtaaa 780
 ctattctata aacatatgca aacagcccta aataaatcta agtctaaag ttttattgat 840
 gtgaaattaa attcttattg gccaaatgcc tgttttgatg agttgattta taaagatttt 900
 tgtaagctc aggattttaa attacacagt tcacaaacag taaaggccat gtgaagagaa 960
 ttattacatc ttatttaacc tcagcattta ctttgtttct ttgcttagg aaattgctca1020
 taatctgggtt ataattttgg tccaaattct ttattcttcc ttgagctaag cagaataatg1080
 gaatcataata tgtcttcata atataacaac actaatcac taatagtaag attaatgtag1140
 gcagtcttct accaaatgtg taatggagat tgcctcaaaa ttgtgtccac ataatccacg1200
 ctcatcttgc aaagcgctat ttcaggcaca tcattggaat acaggaagta gccctgcacc1260
 tgccagttag ctgcgcatc actgattgga agagtgcact ggcattcttg aaatcattgt1320
 gtgtcttcag gagaatgtgc agtgtcttgt aacaactaat tataatgcaa attagggcta1380
 cattgtaatc tgctttgtta atgaaaatga taaaacagaa tattgacaag ctaggacacc1440
 tgtggtatct ttaattgtat ctccctcaga agtttgcttc ttatggtata ataaagtatg1500

45

50

55

60

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:81:

```

10  gtgcaggccg cggtggggtg gggcggcgaa ggccggaagg gataaaaccg cagtcgccgg 60
    cctcgcgggg ctacacggcct cgcctcggta tcgcagcggg tcctctctat ctagctccag120
    cctctcgcct gcgccccact ccccgcgctc cgcgctcctag ccgaccatgg ccgggcccct180
    gcgcgccccg ctgctcctgc tggccatcct ggccgtggcc ctggccgtga gccccgcggc240
    cggctccagt cccggcaagc cgcgcgcct ggtgggaggc cccatggacg ccagcgtgga300
15  ggaggagggt gtgcggcgtg cactggactt tgccgtcggc gagtacaaca aagccagcaa360
    cgacatgtac cacagccgcg cgctgcaggt ggtgcgcgcc cgcaagcaga tcgtagctgg420
    ggtgaactac ttcttgacg tggagctggg ccgaaccacg tgtaccaaga cccagcccaa480
    cttggacaac tgcccccttc atgaccagcc acatctgaaa aggaaagcat tctgctcttt540
    ccagatctac gctgtgcctt ggcagggcac aatgaccttg tcgaaatcca cctgtcagga600
20  cgccatagggt tctgtaccgg gctggcctgt gcctatcacc tcttatgcac acctcccacc660
    ccctgtattc ccacccctgg actggtggcc cctgccttgg ggaaggctc cccatgtgcc720
    tgcaccagga gacagacaga gaaggcagca ggcggccttt gttgctcagc aaggggctct780
    gccctccctc cttccttctt gcttctcata gcccgggtgt gcggtgcata cacccccacc840
25  tcctgcaata aaatagtagc atcggcaaaa aaaaaaaga ggaagagggg aaggaaggga900
    gatgcc                                     906

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:82:

```

    cgcggtcgcc aaaaagaaag acaacgggaa gaaggagttt ggagccgact gcaagtacaa 60
    gtttgagaac tggggtgctg gtgatggggg cacaggcacc aaagtccgcc aaggcaccct120
    gaagaaggcg cgctacaatg ctacgtgccg ggagaccatc cgcgtcacca agccctgcac180
65  - cccaagacc aaagcaaagg ccaaagccaa gaaagggaag ggaaaggact agacgccaag240
    cctggatgcc aaggagcccc tgggtgtcaca tggggcctgg cccacgcct cctctccca300

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:80:

```

ggggccccgg gcttccccgt cggctccccg ctgagctcgc ccgtgttccc gggggcgggt 60
ttcgggtcta agggctcctc cagctcgggt acgtccccgg tgtaccaggt gtcgcgcacg 120
tcgggcgggg ccgggggcct ggggtcgttg cgggccagcc ggctggggac caccgcacg 180
ccctcctcct acggcgacag cgagctgctg gacttctcac tggccgacgc ggtgaaccag 240
gagtttctga ccacgcgcac caacgagaag gtggagctgc aggagctcaa tgaccgcttc 300
gccaactaca tcgagaaggt gcgcttcctg gagcagcaga acgcggcgct cgccgccgaa 360
gtgaaccggc tcaagggccg cgagccgacg cgagtggccg agctctacga ggaggagctg 420
cgggagctgc ggcgccaggt ggaggtgctc actaaccagc gcgcgcgcgt cgacgtcgag 480
cgcgacaacc tgctcgacga cctgcagcgg ctcaaggcca agctgcagga ggagattcag 540
ttgaaggaag aagcagagaa caatttggct gccttccgag cggacgtgga tgcagctact 600
ctagctcgca ttgacctgga gcgcagaatt gaatctctca acgaggagat cgcgttcctt 660
aagaaagtgc atgaagagga gatccgtgag ttgcaggctc agcttcagga acagcaggtc 720
cagggtggaga tggacatgtc taagccagac ctactgccg ccctcagggg catccgggct 780
cagtatgaga ccatcgcggc taagaacatt tctgaagctg aggagtggta caagtcaag 840
gtgtcagacc tgaccaggc agccaacaag aacaacgac ccctgcgcca ggccaagcag 900
gagatgatgg aataccgaca ccagatccag tcctacacct gcgagattga cgccctgaag 960
ggcactaacg attccctgat gaggcagatg cgggaattgg aggaccgatt tgccagtga1020
gccagtggct accaggacaa cattgcgcgc ctggaggagg aaatccggca cctcaaggat1080
gagatggccc gccatctgcg cgagtaccag gacctgctca acgtgaagat ggccctggat1140
gtggagattg ccacctaccg gaagctgctg gagggagagg agagccggat caatctcccc1200
atccagacct actctgccct caacttccga gaaaccagcc ctgagcaaag gggttctgag1260
gtccatacca agaagacggt gatgatcaag accatcgaga cacgggatgg ggaggtcgtc1320
agtgaggcca cacagcagca gcatgaagtg ctctaagac agagaccctc tgccaccaga1380
gaccgtcctc acccctgtcc tcaactgtcc ctgaagccag ccttcttcca tcccaggaca1440
ccacacccag cctcagtcct ccctcacag cgtctgacct ctctcactg gccatccctc1500
gtggtcccca acagcgacat agcccatccc tgcttggtca cagggcacgc ccgggccacc1560
tctgcggaac ccagctgtga gccttggtg ttggcagtga gtgagcctgg ctcttggtgct1620
ggatggagcc caggcgggag cgggtggcct gtccctccca cctctgtgac ctccaggact1680
agcctttggc tctggagaca gcccagagc aggggtgttg gatactgcag ggccaggact1740
gagccccgca gacctccca gcccctagcc caggagagag aaagccaggc aggtagccag1800
ggggactagc ccctgtggag actggggggc ttgaaattgt ccccggtggtc tcttactttc1860
ctttccccag ccagggttg acttagaaag caggggctac aagaggggat ccccggaagg1920
gctggaggtg ggagcaggag attgagaagg agagaaaagt ggtgagatgc tggagaagag1980
aggagaggag agaggcagag agcgggtctc ggctggtggg aggggcgccc acctccccac2040
gccctccctt cccctgctgc aggggctctg gagagaaaca ataaagagat tcacacacaa2100
gccaaaagaa aagaaaaaaa aaaaaaaaag aaaggaaaga agggaagaaa aggtgc 2156

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 906 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

```

5  ttttgttagt gaacaacgtc tctttatattt ggggaggagc ccggcggaca gtagaagtaa 60
   acccttgccct gttaattaaa ctgcccagag tcccgcggcg agtgtggggc gggacgtgaa 120
   gtggcagctc ctcaagtaca aggccactat gtgctatacg catgcgctgt ttcttcagcg 180
10 ccagctccgc ccccgccgca gcgaggcggg taggttccgc ccgcgcgcac tacgccctga 240
   cgtcagcgcc gccgcgcagc gcagtgacga aatcggtctg tttatattgg cgcgggccag 300
   acggcagagg tctctgcggc gcggtcctcg gagacacgcg gcggtgtcct gtgttggcca 360
   tggccgacta cctgattagt gggggcacgt cctacgtgcc agacgacgga ctcacagcac 420
15 agcagctctt caactgcgga gacggcctca cctacaatga ctttctcatt ctccctgggt 480
   acatcgactt cactgcagac cagggtggacc tgacttctgc tctgaccaag aaaatcactc 540
   ttaagacccc actggtttcc tctcccatgg acacagtcac agaggtctgg atggccatag 600
   caatggcgct tacaggcgat ggattcatca cagaccctgt ggtcctcagc cccaaggatc 660
   gcgtgcggga tgtttttgag gccaaggccc ggcattggtt ctgcggtatc ccaatcacag 720
20 acacaggccg gatggggagc cgcttggtgg gcatcatctc ctccagggac attgattttc 780
   tcaaagagga ggaacatgac tgtttcttgg aagagataat gacaaagagg gaagacttgg 840
   tggtagcccc tgcaggcatc aactgaagg aggcaaatga aattctgcag cgcacaagaa 900
   gggaaagtgt cccattgtaa atgaagatga tgagcttgtg gccatcattg cccggacaga 960
   cctgaagaag aatcgggact acccactagc ctccaaagat gccaaagaaac agctgctgtg 1020
25 tggggcagcc attggcactc atgaggatga caagtatagg ctggacttgc tcgcccaggc 1080
   tgggtgtgat gtagtgtttt tggactcttc ccagggaaat tccatcttcc agatcaatat 1140
   gatcaagtac atcaaagaca aataccctaa tctccaagtc attggaggca atgtggtcac 1200
   tgctgcccag gccaaagaacc tcattgatgc aggtgtggat gccctgcggg tgggcatggg 1260
   aagtggctcc atctgcatta cgaggaagt gctggcctgt gggcgggccc aagcaacagc 1320
30 agtgatacag gtgtcagagt atgcacggcg ctttgggtgt ccggtcattg ctgatggagg 1380
   aatccaaaat gtgggtcata ttgcgaaagc cttggccctt ggggcctcca cagtcatgat 1440
   gggctctctc ctggctgcca ccactgaggc ccctggtgaa tacttctttt ccgatgggat 1500
   ccggctaaag aaatatcgcg gtatgggttc tctcgatgcc atggacaagc acctcagcag 1560
35 ccagaacaga tatttcagtg aagctgacaa aatcaaagtg gccaggagg tgtctggtgc 1620
   tgtgcaggac aaagggtcaa tccacaaatt tgtcccttac ctgattgctg gcatccaaca 1680
   ctcatgccag gacattggtg ccaagagctt gacccaagtc cgagccatga tgtactctgg 1740
   ggagcttaag tttgagaaga gaacgtctc agcccagggt gaaggtggcg tccatagcct 1800
   ccattcgtat gagaagcggc ttttctgaaa agggatccag cacacctcct cggttttttt 1860
40 ttcaataaaa gtttagaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1905

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2156 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

ttgggggatgc cctgcgggggt gtacaccccc cgttgcgggct cgggcctgcg ctgctacccg 300
ccccgagggg tggagaagcc cctgcacaca ctgatgcacg ggcaaggcgt gtgcatggag 360
ctggcgggaga tcgaggccat ccaggaaagc ctgcagccct ctgacaagga cgagggtgac 420
caccccaaca acagcttcag ccctgttagc gcccatgacc gcagtgcctg cagaagcact 480
tcgccaaaat tcgagaccgg agcaccagtg ggggcaagat gaaggtcaat ggggcgcccc 540
gggaggatgc ccggcctgtg ccccgagggt cctgccagag cgagctgcac cgggcgctgg 600
agcggctggc cgcttcacag agccgcaccc acgaggacct ctacatcatc cccatcccca 660
actgcgaccg caacggcaac ttccacccca agcagtgtca cccagctctg gatgggcagc 720
gtggcaagtg ctggtgtgtg gaccggaaga cgggggtgaa gcttcggggg ggcctggagc 780
caaaggggga gctggactgc caccagctgg ctgacagctt tcgagagtga ggcctgccag 840
caggccaggg actcagcgtc ccctgtact cctgtgctct ggaggctgca gagctgacct 900
agagtggagt ctgagtctga gtctgtctc tgctgcggc ccagaagttt cctcaaatg 960
cgctgtgca cgtgtgcgtg tgctgtcgtg tgtgtgtgtt tgagcatggg tgtgcccttg 1020
gggtaagcca gagcctgggg tgttctctt ggtgttacac agcccaagag gactgagact 1080
ggcacttagc ccaagaggtc tgagccctgg tgtgtttcca gatcgatcct ggattcactc 1140
actactcat tcttctact atccagccac ctaaaaacat ttactgacca tgtactacgt 1200
gccagctcta gttttcagcc ttgggaggtt ttattctgac ttctctgat tttggcatgt 1260
ggagacactc ctataaggag agttcaagcc tgtgggagta gaaaaatctc attcccagag 1320
tcagaggaga agagacatgt acctgacca tcgtccttcc tctcaagcta gccagagggt 1380
gggagcctaa ggaagcgtgg ggtagcagat ggagtaatgg tcacgaggtc cagacccact 1440
cccaaagctc agacttgcca ggctcccttt ctcttcttcc ccaggtcctt cctttagggt 1500
tggttgttgc accatctgct tggttggctg gcagctgaga gccctgctgt gggagagcga 1560
agggggtaa aggaagactt gaagcacaga gggctaggga ggtgggttac atttctctga 1620
gcagtcaggg tgggaagaaa gaatgcaaga gtggactgaa tgtgcctaata ggagaagacc 1680
cacgtgctag gggatgaggg gcttctctggg tctgttccc taccctattt gtggtcacag 1740
ccatgaagtc accgggatga acctatcctt ccagtggctc gctccctgta gctctgcctc 1800
cctctccata tctccttccc ctacacctcc ctccccacac ctccctactc ccctgggcat 1860
cttctggctt gactggatgg aaggagactt aggaacctac cagttggcca tgatgtcttt 1920
tcttcttttt ctttttttta acaaaacaga acaaaaccaa aaaatgtcca gaaaaaaaaa 1980
aaaaaaaaa gaggaggttg gggaagag

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1905 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:79:

```

    acccacgtgg cggtccagc gtgcaccctt ctttgtgtc gggtaggag gagctaggct 60
    gccatcgggc cggtgcagat acggggttgc tctttgtctc ataagagggg cttcgctggc 120
    agtctgaacg gcaagcttga gtcaggaccc ttaattaaga tcctcaattg gctggagggc 180
5   agatctcgcg agtagggcaa cgcggtaaaa atattgtctc ggtgggtgac gcggtacagc 240
    tgcccaaggg cggtcgtaac gggaatgccg aagcgtggga aaaagggagc ggtggcgga 300
    gacgggggatg agctcaggac agagccagag gccaaagaaga gtaagacggc cgcaaagaaa 360
    aatgacaaaag aggcagcagg agagggccca gccctgtatg aggaccccc agatcagaaa 420
10  acctaccca gtggcaaac tgccacactc aagatctgct cttggaatgt ggatgggctt 480
    cgagcctgga ttaagaagaa aggattagat tgggtaaagg aagaagcccc agatatactg 540
    tgccttcaag agaccaaag ttccagagaac aaactaccag ctgaacttca ggagctgcct 600
    ggactctctc atcaatactg gtcagctcct tcggacaagg aagggtacag tggcgtgggc 660
    ctgctttccc gccagtgcc actcaaagt tcttacggca taggcgagga ggagcatgat 720
15  caggaaggcc ggggtgattgt ggctgaattt gactcgttt tgctggtaac agcatatgta 780
    cctaattgag gccgaggtct ggtacgactg gactaccggc agcgtggga tgaagcctt 840
    cgcaagttcc tgaaggccct ggcttcccga aagcccctt tgctgtgtgg agacctcaat 900
    gtggcacatg aagaaattga ctttcgcaac ccaagggga acaaaaagaa tgctggcttc 960
    acgccacaag agcgccaagg cttcggggaa ttactgcagg ctgtgccact ggctgacagc 1020
20  tttaggcacc tctacccaa cacaccctat gcctacacct tttggactta tatgatgaat 1080
    gctcgatcca agaattgttg ttggcgccct gattactttt tgtgtccca ctctctgtta 1140
    cctgcattgt gtgacagcaa gatccgttcc aaggccctcg gcagtgatca ctgtcctatc 1200
    accctatacc tagcactgtg acaccacccc taaatcactt tgagcctggg aaataagccc 1260
    cctcaactac cattccttct ttaaacactc ttcagagaaa tctgcattct atttctcatg 1320
25  tataaaacta ggaatcctcc aaccaggctc ctgtgataga gttcttttaa gcccaagatt 1380
    ttttatttga ggggtttttt ttttttaaaa aaaaattgaa caaagactac taatgacttt 1440
    gtttgaaatta tccacatgaa aataaagagc catagtttca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1500
    aaaaaa
30

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2008 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:78:

```

65  gcgctccccg cctgcgccca gcgccccg cgccgcgccca gtcctcgggc ggtcatgctg 60
    cccctctgcc tcgtggccgc cctgctgctg gcgcgcgggc ccgggcccag cctggggcag 120
    gaagccatcc actgccgcgc ctgctccgag gagaagctgg cgcgctgccg ccccccgctg 180
    ggctgcgagg agctggtgcg agagccgggc tgcggctgtt gcgccacttg cgccctgggc 240

```

```

tcccccatgg caggggtgtga gggaggcagg tttggaatgg tgcgagtatg gcaatctaag3060
caggggtctg gtctctttga ctccaggctg gccttttgcc gactgtctgc tcaccagag3120
accttggaact ccggactatc catggctccg aatctaagtg ctgccactc ccattgctcac3180
accacagaa ggtcttccca tcccctttag attcgtgcct cactccacca gtgaggaaga3240
tgcctctgtc tttcccacga ctgccaggag atagggaagc ccagccagga ctgacctcc3300
ttcctccagc ctgccctgac ccacctggca aagcagggca catggggagg aagagactgg3360
aacctttctt tgacagccag gcctagacag acaggcctgg ggacactggc cccatgaggg3420
gaggaaggca ggcgcacgag gtccagggag gcccttttct gatcatgcc cttctctccc3480
accccatctc .cccaccacca cctctgtggc ctccatggta ccccacagg gctggcctcc3540
cctagagggg gggcctcaac cacctgctcc cgccacgcac cggttagtga gacagggctg3600
ccacggcaac cgccaagccc ccctcaagg gggacagtac cccggacca tccactcact3660
cctgagaggg ctcgggcccc gaatgggaac ctccagaga agctctaagg agaagaaacc3720
ccatagcgct agagaggata tgtctggctt ccaagagaaa ggaggctccg ttttgcaaa3780
tggaggaggg acgagggaca ggggtttcac cagccagcaa cctgggcctt gtactgtctg3840
tgtttttaaa accactaaag tgcaagaatt acattgcact gtttctccac tttttatttt3900
ctcttaggct tttgtttcta tttcaaact actttcttgg ttttctaag gagtatatag3960
tttagtcatt tcacagactc tggcctcctc tcctgaaatc cttttggatg gggaaaggga4020
aggtggggag ggtccgaggg gaaggggacc ccagcttccc tgtgcccgtc caccctcact4080
caccagtccc cggtcgccag ccggagtctc ctctctaccg ccactgtcac accgtagccc4140
acatggatag cacagtgtgc agacaagatt ccttcagatt ccgagttgcc taaccggttg4200
tttcgttggt gttgtgtgtg tttttctttt tctttttttt tttgaagaca gcaataacca4260
cagtacatat tactgtagtt ctctatagtt ttacatacat tcataccata actctgttct4320
ctcctctttt ttgttttcaa cttaaaaaac aaaaataaac gatgataatc tttactggtg4380
aaaaggatgg aaaaaataat caacaaatgc aaccagtttg tgagaaaaaa aaaaaaaaag4440
ccgaaaaaaa aaaaaaaaaa acctgaatgc ggaagagctc ggctcccgtt tagcattttg4500
tacttaagga aataaaaaac caacaaagga tctcacattt tcttaaaaag tgaagattgc4560
tgtatactat ttattcaact tataatttat gttactcctt gatctttgtc ttttgtcatg4620
acaaagcatt tatttaataa agttatgcat tcagttaaaa aaaaaaaaaa ggcggcgaaa4680
gggtgcagag acagggggga tgggggatga ggatgagggg ggaggggacg taggtgtggg4740
ggggggcccc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

.- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:76:

```

15  gcgttcgagt gatgccttgc accccaacct ggcccccgcc gccgcccacg cccagccccg 60
    actccagcca gcgcctccct ccaccccagg acgccactca tttcatctca tttaaggga 120
    aaatatatat ctatctatctt gaggaacctg aggacctcgg aatctctagc aagggtcaa 180
    cttcgaaaaat ggcaacaaca gagatgcaaa aagctaaaaa gacaccccc ccctttaa 240
    ggttttcttt ttgaggcaag ttggtatgaac agagaaggga agagaggaag aacgagagga 300
20  agagaaggga aggaagtgtt tgtgtagaag agagagaaag acgaatagag ttaggaaaag 360
    gaagacaagc aggtgggcag gaaggacatg caccgagacc aggcaggggc ccaactttca 420
    cgtccagccc ttggcctggg tcgggagagc tgggcgctag aagatgcagc ccaggatgtg 480
    gcaatcaatg acactattgg ggtttcccag gatggattgg tcagggggag aaaggaaaag 540
25  gcaaaacact ccaggacctc tcccgatct gtctcctcct ctaggcagca gtatggacag 600
    ctggacccct gaacttcctc tcctcttacc tgggcagagt gttgtctctc cccaaattta 660
    taaaaactaa aatgcattcc attcctctga aagcaaaaca aattcataat tgagtgaat 720
    taaatagaga ggttttcgga agcagatctg tgaatatgaa atacatgtgc atatttcatt 780
    ccccaggcag acatttttta gaaatcaata catgccccaa tattggaaag acttggtctt 840
30  ccacggtgac tacagtacat gctgaagcgt gccgtttcag ccctcattta attcaatttg 900
    taagtagcgc agagcctctg tgggggagga taggctgaaa aaaaaaagtg ggctcgtatt 960
    tatctacagg actccatata gtcatatata ggcataataa tctattcttt ttctttgttt 1020
    ttttctttct tcctttcttt caaaggtttg cattaacttt tcaaagtagt tcctataggg 1080
    gcattgagga gcttctcat tctgggaaaa ctgagaaaac ccatattctc ctaatacaac 1140
35  ccgtaatagc atttttgcct gcctcgaggc agagtttccc gtgagcaata aactcagctt 1200
    ttttgtgggg cacagtactg gatttgacag tgattcccca cgtgtgttca tctgcaccca 1260
    ccgagccagg cagaggccag ccctccgtgg tgcacacagc acgcgcctca gtccatccca 1320
    ttttagtctt taaaccctca ggaagtcaca gtctccggac accacaccac atgagcccaa 1380
40  caggtccacg atggatccac cagtcaccac ccagcctttt cctttcatct gaacagaatg 1440
    tgcattttttg gaagcctccc tcactctcca tgctggcaga gcaggaggga gactgaagta 1500
    agagatggca gagggagatg gtggcaaaaa ggttttagatg caggagaaca gtaagatgga 1560
    tggttccggc cagagtcatg gtggggagga acagagggtc gaaggagag ggggtgact 1620
    gttccattct agctttggca caaagcagca gaaaggggga aaagccaata gaaatttct 1680
45  tagcttcccc accatatgta ttttctagga tttgagagga aagagaggaa aatgggggaa 1740
    tgggttgcaa aatagaaatg agcttaatcc aggcgcgaga gccagggaag gtgagtaact 1800
    ttaggagggg gctagacttt agaagccaga taggaagaat cagtctaacc tggccatgct 1860
    ttggaaggga caagactatg tgctccgctg cccaccttca gcctgcaatg agggactgag 1920
    gccacagagt ctttccagct ctctctccat tctggccagt ccctgcatcc tccctgggtt 1980
50  ggaggatgga aggaaagctg ggacaagcag ggaacgcag attcagggat gctgtcactc 2040
    ggagccaga ttccgaaact ccattctctc aatgacttcc tcaaccaatg ggtggccttg 2100
    tgactgttct ttaaggctga agatatccag gaaagggggc ttggacactg gccaggaga 2160
    ccccttcgtg ctgtggacac agctctcttc actctttgct catggcatga cacagcgag 2220
55  accgcctcca acaacgaatt tggggctacg aagaggaata gcgaaaaagc aaatctgttt 2280
    caactgatgg gaaccctata gctatagaac ttgggggcta tctcctatgc ccctggacag 2340
    gacagtgggc tggggacagg agaagtgtc aatcttcatg agacaaagg gcccgatagg 2400
    ccagcagcca caaggcctg acctgcogag tcagcatgcc ccattctctc gcacagctgt 2460
    cccctaaacc caactcacgt ttctgtatgt cttaggccag tatcccaaac ctcttccacg 2520
60  tcaactgttct ttccacccat tctccctttg catcttgagc agttatccaa ctaggatctg 2580
    ccaagtggat actggggtgc cactcccttg agaaaagact gagccaggaa ctacaagctc 2640
    cccccacatt cctcccagcc tggacctaat tcttgagagg ggtctctctc tcacggactg 2700
    tgtctggact ttgagcaggg ttctgcccc tgcgttggct ctttctgtgc agccatcagg 2760
    tgggggatta gagcctggtg taagtgcgcc agactcttcc ggtttccaaa gttcgtgcct 2820
65  gcgaacccaa acctgtgagt ctcttctgca tgcaggagtt tctcctgggc agctggtcac 2880
    tccccagaga agctgggcct tcatggacac atggaactaa gcctcccaa tgggagttct 2940
    ggctgagccc aggggtggga gatcctggga agggaggcac tggaggaaga cggcacctct 3000

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:75:

```

caagtgcctgg gctgtgtgta catcttccct ctgcctctcc ccacaagcct ccaccgctat 60
gtctggctgg tttacgagca ggacaggccg ctaaagtgtg acgagcccat cctcagcaac 120
cgatctggag accaccgtgg caaattcaag gtggcgctcc tccgtaaaaa gtatgagctc 180
agggccccgg tggctggcac gtgttaccag gccgagtggg atgactatgt gccc aaactg 240
tacgagcagc tgtctgggaa gtagggggtt agcttgggga cctgaactgt cctggaggcc 300
ccaagccatg ttccccagtt cagtgttgca tgtataatag atttctctc ttctgcccc 360
ccttggcatg ggtgagacct gaccagtcag atggtagttg agggtgactt ttctgtctgc 420
ctggccttta taattttact cactcactct gatttatgtt ttgatcaaat ttgaacttca 480
ttttgggggg tattttggtg ctgtgatggg gtcacaaat tattaatctg aaaatagcaa 540
cccagaatgt aaaaaagaaa aaactggggg gaaaaagacc aggtctacag tgatagagca 600
aagcatcaaa gaatctttta ggaagggtta aaaaaaaaaa aaaatagaac ttcatthttg 660
ggggtatttt ggtactgtga tgggggtcatc aaattattta tctgaaaata gcaaccaga 720
atgtaaaaaa gaaaaaactg gggggaaaaa gaccaggtct acagtgatag agcaaagcat 780
caaagaatct ttaaggaagg tttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagattgg ttgcctctgc 840
ctttgtgac ctgagtcag aatggtacac aatgtgattt tatggtgatg tcaactcact 900
agacaaccag aggtggcat tgaggctaac ctccaacaca gtgcatctca gatgcctcag 960
taggcatcag tatgtcactc tgggtccctt aaagagcaat cctggaagaa gcaggaggga 1020
gggtggcttt gctgtgtgtg ggacatggca atctagaccg gcagcagcgc tcgctgacag 1080
cttgggagga aacctgagat ctgtgttttt taaattgatc gttcttcatg ggggtaagaa 1140
aagctggtct ggagttgctg aatgttgcat taattgtgct gtttgcttgt agttgaataa 1200
aaatagaac ctgaatgaaa aaaaaaaa aaaaattttt 1240

```

25

30

35

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74:

```

5      gggggcgagc ggaggggctg aggggcgag aggcctggcg gggctctgcc agcgtccccg 60
      gccacgtctg tgctctgtcc ttgtgtaatg gaatgcaaaa aagccaagcc ctccgcctag 120
      aggtccccctc acgtgaccag ccccgtagag ccccgggctg acccagtggtg tgctcagcag 180
30     cccacaccca ccctgcccc tgtcctctca gagcctcagc ttctggggga gacatgctct 240
      cccacagggg gggaggcact aagtcatggt cctggctgga aggtactgaa ggcttctgca 300
      gctttggctg cagctcacc tctgagcct cacccttctc gcgctccctc ctgttggtgaa 360
      atcaccacat tctgtctctg cttggcttcc cctccaccct aaagtctcag gtgacggact 420
      cagactcctg gcttcatgtg gcattctctc tgctcagtga tctcacttaa atctatatac 480
35     aaagccttgg tcccgtagaa acactcgtgt gccaccagc ggccttgaag aggcaggtct 540
      gggccagatg ctgggcagga aacccagcg gcagatgggc ctgtgtgcac ccaacgtgat 600
      gctatgcatg tctgaccgac gatccctcga ccagaatcag attcaggagc tcagtttctt 660
      tttcacttgg gtctctggat tctgtcata gggaagggtat atcaggaggg gaagaggcct 720
40     ttctagaatt ttctttgagc aggtttacaa ttttagcttac atttttcgac tgtgaacgtg 780
      aataggctgc tttttgcttt cttctttcca gacccacag tagagcactt ttcacttatt 840
      tgggggaggc ttcaggggac tgttctcacc ttaactcagc cagaaagatg ccctagttgt 900
      gatcaaaggc aactcgaggt ggagggtagc cctggggccc ctcgacatca ccgtcattga 960
      tggagcctga accgtgtgct cctcggcaga tgctgtgtgt gttacttccc tccaagaggc1020
45     tggaaaaggc ctcagagctg ctgagcagga accggagggt gacccatttc aggaggtgcc1080
      ggtaccagcc tgactaggta caggcaagct tgtgtgggcc caacaggccc ttggtagagc1140
      tggtgccaga tgtgggctca gatcctgggc atgatgggcc gagccacctc ggatcccact1200
      gattggccag ccgagcgaga accaggctgc tgcattggcc tgaccgccgc ttccagcttc1260
      ctctgagccg cagggcctgc tacgcgggca agcgtgctgc ctctcttctg tgcgtttttg1320
50     ttgccaaggc agaatgaaaa gtcccttaacc gtggactctt cctttatccc ctccctttacc1380
      ccacatatgc aatgactttt aattttcact tttgtagttt aatcctttgt attacaacat1440
      gaaatatagt tgcatatatg gacaccgact tgggaggaca ggtcctgaat gtcctttctc1500
      cagtgtaca tgttttactc acaataaaaa ttctttcagc aagttccttg tctttctctc1560
55     tggga
      1565

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1240 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:73:

```

ggaaggcgcc tcccgagtc gctcggaact gccgaccga gtgcttcccg cagagggctg 60
gtggtgggag cggagtgggt cgggcggggc cgagccgggc cgtggggccg gtggggggccg 120
ggcgccggcc gggccggcg acggcgggat gggctgcacc gtgagcgccg aggacaaggc 180
ggcgccggag cgctctaaga tgatcgacaa gaacctgcgg gaggacggag agaaggcggc 240
gcgggaggtg aagttgctgc tgttgggtgc tggggagtca gggaagagca ccatcgtoaa 300
gcagatgaag atcatccacg aggatggcta ctccgaggag gaatgccggc agtaccgggc 360
ggttgtctac agcaacacca tccagtccat catggccatt gtcaaagcca tgggcaacct 420
gcagatcgac tttgccgacc cctccagagc ggacgacgcc aggcagctat ttgactgtc 480
ctgcaccgcc gaggagcaag gcgtgctccc tgatgacctg tccggcgta tccggaggct 540
ctgggctgac catggtgtgc aggcctgctt tggccgctca agggaatacc agtcaacga 600
ctcagctgcc tactacctga acgacctgga gcgtattgca cagagtgaact acatccccac 660
acagcaagat gtgctacgga cccgcgtaaa gaccacgggg atcgtggaga cactctcac 720
cttcaaggac ctacacttca agatgtttga tgtgggtggg cagcggtctg agcgggaagaa 780
gtggatccac tgctttgagg gcgtcacagc catcatcttc tgcgtagctt gagcgcttat 840
gacttggtgc tagctgagga cgaggagatg aaccgcatgc atgagagcat gaagctattc 900
gatagcatct gcaacaacaa gtggttcaca gacacgtcca tcatcctctt cctcaacaag 960
aaggacctgt ttgaggagaa gatcacacac agtccctga ccatctgctt ccctgagtac1020
acaggggcca acaaatatga tgaggcagcc agctacatcc agagtaagtt tgaggacctg1080
aataagcgca aagacacca gggatctac acgcaacttca cgtgcgccac cgacaccaag1140
aacgtgcagt tcgtgtttga cgccgtcacc gatgtcatca tcaagaacaa cctgaaggac1200
tgcgccctct tctgaggggc agcggggcct ggcgggatgg gccaccgccg actttgtacc1260
ccccaccctc tgaggaagat gggggcaaga agatcacgct ccccgctgt tccccgcgcg1320
cttttctcct ctttctctct tttgttctca gctccccctg tccctcagc tccagacgta1380
ggggaggggt tgccacaggc ctccctgttt gaagcctgcc cttgtctgag atgctggtaa1440
tgcccatggt accccttctt gggcatctgt tctggttttt aaccattgtc ttgttctgtg1500
atgaggggag gggggcacat gctgagtctc ccaaggctgc gtctggaggg gcccctgctt1560
ctccagcctg gacccccagc tttgcccac accagcccct gcccagccc aagtccaaat1620
gtttacaggg agcctcctgc ccagtcccc aacccagcc gctcggaggc cccaaaggaa1680
aaagcacaag aagcgtgaga cgccaccatt cctggaaacc acagtccacc tgctcattct1740
cgtagctttt taaaaaatg aaagtaaagg aaaaaaaaa aactgcaaat ctagaaaact1800
ttttagagaa aaactattta aaactgtcag atcctgacca gcaaggcccc ccccgggccc1860
ccttccaagt gactccgtgc cttgagtgtg tctgcgtgtt tacacccgtc cctctgctgg1920
ccgccccctg gcgagcggca cccctgccct gccctccaca gaattgggtt ccaagggctg1980
ttccagacaa ctgccaacgt cactgagggc cctgcccag cgccctggc cccaggctct2040
attaacctaa aatgtagctc cctagcgcta acctaggaac cgccgctgcc tgctgggggg2100
ccacgcccct catgcccctg tcccaggccc ggggccttca gcgttgaaca cttccttgct2160
ttttcacat gttttatgga attgttcacc tggtttgaaa taataaaatg tagaaagaaa2220
aaaaaaaaa aaaaaa
2236

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1565 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:72:

```

cagcagcgag cgggtgtgcg gcaggacgcc aacacctacg ccaacctgtg ccagctgogc 60
gccgccagcc gccgctccga gaggtctcac cggccgcggg tcatcgtcct gcagcgcgga 120
gcctgcgggc aagggcagga agatcccaac agtttgcgcc ataaatataa ctttatcgcg 180
gacgtggtgg agaagatcgc ccctgccgtg gttcatatcg aattgtttcg caagcttccg 240
ttttctaaac gagaggtgcc ggtggctagt ggggtctgggt ttattgtgtc ggaagatgga 300
ctgatcgtga caaatgcccc cgtgggtgacc aacaagcacc ggggtcaaagt tgagctgaag 360
aacggtgcca cttacgaagc caaaatcaag gatgtggatg agaaagcaga catcgactc 420
atcaaaattg accaccaggg caagctgcct gtccgtctgc ttggccgctc ctgagagctg 480
cggccggggag agttcgtggg cgccatcgga agcccgtttt cccttcaaaa cacagtcacc 540
accgggatcg tgagcaccac ccagcgaggg ggcaaagagc tggggctccg caactcagac 600
atggactaca tccagaccga cgccatcatc aactatggaa actcgggagg cccgttagta 660
aacctggacg gtgaagtgat tggaaattaac actttgaaag tgacagctgg aatctccttt 720
gcaatcccat ctgataagat taaaaagtcc ctcacggagt cccatgaccg acaggccaaa 780
ggaaaagcca tcaccaagaa gaagtatatg ggtatccgaa tgatgtcact cacgtccagc 840
aaagccaaag agctgaagga ccggcaccgg gacttcccag acgtgatctc aggagcgtat 900
ataattgaag taattcctga taccacagca gaagctgggt gtctcaagga aaacgacgtc 960
ataatcagca tcaatggaca gtccgtgggc tccgccaatg atgtcagcga cgtcattaaa1020
agggaaagca ccctgaacat ggtgggtccgc agggtaatga agatatcatg atcacagtga1080
ttcccgaaga aattgaccca taggcagagg catgagctgg acttcatgtt tccctcaaag1140
actctccgtg ggtgacgga tgaggactct gggctgctgg aataggacac tcaagacttt1200
tgactggcat tttgtttgtt cagtggagac tccctggcca acagaatcct tcttgatagt1260
ttgcaggcaa aacaaatgta atgttgacga tccgcaggca gaagctctgc ccttctgtat1320
cctatgtatg cagtgtgctt tttcttgcca gcttgggcca ttcttgctta gacagtcagc1380
atgtgtctcc tcttttaact gagtcacat cttagtccaa ctaatgcagt cgataacaatg1440
cgtagataga agaagcccca cgggagccag gatgggactg gtcgtgtttg tgcttttctc1500
caagtcagca cccaaaggtc aatgcacaga gacccgggtg gggtgagcgc tggcttctca1560
aacggccgaa gttgcctctt ttaggaatct ctttggaatt gggagcacga tgactctgag1620
tttgagctat taaagtactt cttacacatt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1680
aaaaaaaaagcgg aaaaggaggg gaaag

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2236 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:71:

10

```

cggcggcctt ggcgtgctgg cggccggagt ggacgcggat gtcctcctgg aggcctgctg 60
tgccgacgga caccggatgg ccactcatca gaaggactgc tcgctgccat atgctacgga 120
atccaaagaa tgcaggatgg tgcaggagca gtgctgccac agccagctgg aggagctgca 180
ctgtgccacg ggcacagcc tggccaacga gcaggaccgc tgtgccacgc cccacgggta 240
caacgccagc ctggaggcca catttgtaga gaggtgctgc cattgctgtc tgctggggag 300
ggcggccag gcccagggcc agagctgcga gtacagcctc atgggtggct accagtgtgg 360
acaggtcttc cgggcatgct gtgtcaagag ccaggagacc ggagatttgg atgtcggggg 420
cctccaagaa acggataaga tcattgaggt tgaggaggaa caagaggacc catatctgaa 480
tgaccgctgc cgaggaggcg ggccctgcaa gcagcagtg cagacacgg gtgacgaggt 540
ggtctgctcc tgcctcgtgg gctaccagct gctgtctgat ggtgtctcct gtgaagatgt 600
caatgaatgc atcacgggca gccacagctg cgggcttggga gaatcctgca tcaacacagt 660
gggctctttc cgctgccagc gggacagcag ctgcgggact ggctatgagc tcacagagga 720
caatagctgc aaagatattg acgagtgtga gagtgggtatt cataactgcc tccccgattt 780
tatctgtcag aatactctgg gatccttccg ctgccgaccc aagctacagt gcaagagtgg 840
ctttatacaa gatgctctag gcaactgtat tgatatcaat gagtgtttga gtatcagtg 900
cccgtgccct attgggcata catgcatcaa cacagagggc tcctacacgt gccagaagaa 960
cgtgcccac tgtggccgtg gctaccatct caacgaggag ggaacgcgct gtgttgatgt 1020
ggacgagtg ggcacacctg ctgagccctg tgggaaggga catcgctgcg tgaactctcc 1080
cggcagtttc cgctgcgaat gcaagacggg ttactatttt gacggcatca gcaggatgtg 1140
tgtcgatgtc aacgagtgcc agcgtaccc cgggcgcctg tgtggccaca agtgcgagaa 1200
cacgctgggc tcctacctct gcagctgttc cgtgggcttc cggctctctg tggatggcag 1260
gtcatgtgaa gacatcaatg agtgacagc cagccccctg agccaggagt gtgccaacgt 1320
ctacggctcc taccagtgtt actgccggcg agggctaccag ctcagcgatg tggatggagt 1380
cacctgtgaa gacatcgacg agtgccgccc gccacacggg ggccacatct gctcctaccg 1440
ctgcatcaac atccctggaa gcttccagtg cagctgcccc tcgtctggct acaggctggc 1500
ccccaatggc cgcaactgcc aagacattga tgagtgtgtg actggcatcc acaactgctc 1560
catcaacgag acctgcttca acatccaggg cggcttccgc tgcttgccct tcgagtggcc 1620
tgagaactac cgccgctccg cagccacccg ctgtgagcgc ttgccttgcc atgagaatcg 1680
ggagtgtctc aagctgcctc tgagaataac ctactaccac ctctctttcc ccaccaacat 1740
ccaagcgccc gcggtggttt tccgcatggg cccctccagt gctgtccccg gggacagcat 1800
gcagctggcc atcacggcg gcaatgagga gggctttttc accacccgga aggtgagccc 1860
ccacagtggg gtggtggccc tcaccaagcc tgtccccgag cccagggact tgctcctgac 1920
cgtcaagatg gatctctctc gccacggcac cgtcagctcc tttgtggcca agcttttcat 1980
ctttgtgtct gcagagctct gagcactcgc ttgcgctcgc ggggtctccc tcctgttgct 2040
ttcctaacc tgccctccg ggcgttaata aagtcttagc aagcgtccca cacagtga 2100
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2150

```

15

20

25

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:70:

```

ctcgagccgc ccgagccgct cggtgtttt cctgcgcagg agccgcaggg ccgtaggagg 60
ccatggcgcc cagccggaat ggcattgtct tgaagcccca cttccacaag gactggcagc120
ggcgcggtgc cacgtggttc aaccagccgg ccgtaagat ccgcagacgt aaggcccggc180
aagccaaggc gcgcgcgcat gccccgcgcc ccgcgtcggg tcccatccgg cccatcgtgc240
gctgccccac ggttcggtac cacacgaagg tgcgcgcggg ccgcggcttc agcctggagg300
agctcagggt ggccggcatt cacaagaagg tggcccgac catcggcatt tctgtggatc360
cgaggaggcg gaacaagtcc acggagtccc tgcaggccaa cgtgcagcgg ctgaaggagt420
accgctccaa actcattctc ttccccagga agccctcggc cccaagaag ggagacagtt480
ctgctgaaga actgaaactg gccaccacgc tgaccggacc ggtcatgccc gtccggaacg540
tctataagaa ggagaaagct cgagtcacat ctgaggaaga gaagaatttc aaagccttcg600
ctagtctccg tatggcccggt gccaacggcc ggctcttcgg caccgggca aaaagagcca660
aggaagccgc agaacaggat gttgaaaaga aaaaataaag ccctcctggg gacttggaat720
cagtcggcag tcatgctggg tctccacgtg gtgtgtttcg tgggaacaac tgggcctggg780
atggggcttc actgctgtga cttcctcctc ccaggggatt tggggcttac ttgaaagaca840
gtccaagccc tgggataata ctttactttc tgtgttgaaa cactgtgagt atggtggcat900
agggactgat gtaga
915

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2150 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

```

gtgagttacc agctggagcg ctgtatcgta agaccagcca gctgctggag acattgaatc2820
aattgagcac acacacgcac gtagtagaca tcaactcgac cagccctgct gccaaagagcc2880
cgctcgccca acttatggag caagtggctc agcttaagtc cctgagtgac accgtcgaga2940
agctcaagga tgaggtcctc aaggagacag tatctcagcg ccctggagcc acagtacca3000
ctgactttgc caccttcctc tcatcagcct tcctcagggc caaggaggag cagcaggatg3060
acacagtcta catgggcaaa gtgaccttct catgtgcggc tggttttgga cagcgacacc3120
ggctgggtgct gaccaggag cagctgcacc agcttcacag tcgcctcatc tcctaagcac3180
tcctttcccc tgctgtcccc ttcgacctc agccctctgg tgccgctctg cccgatgcac3240
agccacctca gccagccccc aggtagaaac gtgggttaag ctcttcctgc cccgttcagc3300
ttcactccca ccctttcagc gtccctgcccc ttacacctga cccgggttcc cccactccca3360
ttccctggcc tctgccataa tttgttggtc aactgctccc tccttcctga ggggcctcag3420
ggcttggtggg gggtaggctg agacccacc accaaagggt aagtgaggtc cccttgattg3480
aggacttcac cccttgatta aagcaactc tgcttcagtg aaaaaaaaaa aaaa 3534

```

5

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 369 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:69:

50

```

atcttggttc cgcgttcctt gcacaaaatg cccggcaggt tacaggagtt actagagtca 60
ctatccggaa atctaagaat atcctctttg tcatcacaaa accagatgtc tacaagagcc120
ctgcttcaga tacttacaga gggtttgggg aagccaagat cgaagattta tcccagcaag180
cacaactagc agctgctgag aaattcaaag ttcaagggtga agctgtctca aacaatcaag240
aggacacaca gactccaacg gtacaagagg ggagtggggg ggaagaggtc gatgaaacag300
gtgtaggggt tagggccatt gaattggtca tgtcacaagc ccatgtgtcg agagcggagg360
cggtccgac

```

55

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 915 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68:

```

20  gggetcaggt gcgggacctg gaggagaaac tagagaccct gagactgaaa cgggcagaag 60
    acaaagcaaa gctaaaagag ctggagaaac acaaaatcca gctggagcag gtgcaggaat 120
    ggaagagcaa aatgcaggag cagcaggccg acctgcagcg gcgcctcaag gaggcgagaa 180
    aggaagccaa ggaggcgctg gaggcaaagg aacgctatat ggaggagatg gctgatactg 240
    ctgatgccat tgagatggcc actttggaca aggagatggc tgaagagcgg gctgagtccc 300
    tgcagcagga ggtggaggca ctgaaggagc gggtaggacga gctcactact gacttagaga 360
25  tcctcaaggc tgagattgaa gagaagggct cagatggcgc tgcattccagt tatcagctca 420
    agcagcttga ggagcagaat gcccgcctga aggatgccct ggtgaggatg cgggatcttt 480
    cttcctcaga gaagcaggag catgtgaagc tccagaagct catggaaaag aagaaccaag 540
    agctggaagt tgtgaggcaa cagcgggagc gtctgcagga ggagctaagc caggcagaga 600
30  gcaccattga tgagctcaag gagcagggtg atgctgctct ggggtgctgag gagatgggtg 660
    agatgctgac agatcggaac ctgaatctgg aagagaaagt gcgcgagttg agggagactg 720
    tgggagactt ggaagcgatg aatgagatga acgatgagct gcaggagaat gcacgtgaga 780
    cagaactgga gctgcgggag cactgggaca tggcaggcgc gcgggttcgt gaggcccaga 840
    agcgtgtgga ggcagcccag gagacggttg cagactacca gcagaccatc aagaagtacc 900
35  gccagctgac cgcccatcta caggatgtga atcgggaaact gacaaaccag caggaagcat 960
    ctgtggagag gcaacagcag ccacctccag agaccttga cttcaaaatc aagtttgctg 1020
    agactaaggc ccatgccaaag gcaattgaga tggaaattgag gcagatggag gtggcccagg 1080
    ccaatcgaca catgtccctg ctgacagcct tcatgcctga cagcttcctt cggccagggtg 1140
    gggaccatga ctgcgttctg gtgctgttgc tcatgcctcg tctcatttgc aaggcagagc 1200
40  tgatccggaa gcaggcccag gagaagtttg aactaagtga gaactgttca gagcggcctg 1260
    ggctgcgagg agctgctggg gagcaactca gctttgctgc tggactggtg tactcgctga 1320
    gcctgtgca ggccacgcta caccgctatg agcatgccct ctctcagtgc agtgtggatg 1380
    tgtataagaa agtgggcagc ctgtaccctg agatgagtgc ccatgagcgc tccttgattg 1440
45  tcctcattga actgctgcac aaggatcagc tggatgagac tgtcaatgtg gagcctctca 1500
    ccaaggccat caagtactat cagcatctgt acagcatcca ccttgccgaa cagcctgagg 1560
    actgtactat gcagctggct gaccacatta agttcacgca gagtgtctctg gactgcatga 1620
    gtgtggaggt aggacggctg cgtgccttct tgcagggtgg gcaggaggct acagatattg 1680
    ccctcctgct ccgggatctg gaaacttcat gcagtgcacat ccgccagttc tgcaagaaga 1740
50  tccgaaggcg aatgccaggg acagatgctc ctgggatccc agctgcactg gcctttggac 1800
    cacaggtatc tgacacgctc ctgactgca ggaacactt gacgtgggtc gtggctgtgc 1860
    tgcaggaggt ggcagctgct gctgcccagc tcattgcccc actggcagag aatgaggggc 1920
    tacttgtggc tgctctggag gaactggctt tcaaagcaag cgagcagatc tatgggaccc 1980
    cctccagcag cccctatgag tgtctgcgcc agtcatgcaa catcctcatc agtaccatga 2040
55  acaagctggc cacagccatg caggaggggg agtatgatgc agagcggccc ccagcaagc 2100
    ctccaccggt tgaactgcgg gctgctgccc ttctgtcaga gatcacagat gctgaaggcc 2160
    tgggtttgaa gctcgaagat cgagagacag ttattaagga gttgaagaag tcaactaaga 2220
    ttaagggaga ggagctaagt gaggccaatg tgcggtctgag cctcctggag aagaagtgg 2280
60  acagtgtctc caaggatgca gatgagcgca tcgagaaagt ccagactcgg ctggaggaga 2340
    cccaggcact gctgcgaaag aaggagaaag agtttgagga gacaatggat gcactccagg 2400
    ctgacatcga ccagctggag gcagagaagg cagaactaaa gcagcgtctg aacagcctct 2460
    ccaaacgcac gattgagggg ctccggggcc ctctccttct aggcattgct actctggtct 2520
    ctggcattgc tggtagaaga cagcagcgag gagccatccc tgggcaggct ccagggtctg 2580
65  tgccaggccc agggctgggtg aaggactcac cactgctgct tcagcagatc tctgccatga 2640
    ggctgcacat ctcccagctc cagcatgaga acagcatcct caagggagcc cagatgaagg 2700
    catccttggc atccctgccc cctctgcatg ttgcaaagct atcccatgag ggccctggca 2760

```

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tatcaacatt tatatgcttt attgaaagtt 60
gacaagtgcac acagttaaata acagtgcacac cttacaattg tgtagagaaac atgcacagaa 120
acatatgcat ataactacta tacaggtgat atgcagaaac ccctactggg aaatccattt 180
cattagttag aactgagcat ttttcaaagt attcaaccag ctcaattgaa agacttcagt 240
gaacaaggat ttacttcagc gtattcagca gctagatttc agattacaca aagttagtaa 300
ctgtgccaaa ttcttaaaat ttcttttaggt gtgggtttttg tcatgtagca gtttttatgt 360
agatctatat ataaaagtcc acacctcttc agacagccaa tgaaacaact aaatttcaat 420
ctgtacaacc taaatagtag ttacagtcct ctattgtaca aaatagttac actacatata 480
caaatataca ataagcaaaa caaccttcat ggtaagatag cctagggtccc agctacctgt 540
caccattttg tcaactctcat agttttgtgt catccattgt ttgagaagaa agaggcacag 600
tactattgtt ttttatgaat tttgggtgaca gttgtcaaatt ttgtacagtg aactctgttc 660
cccctcattt tagtcttttt accctccttt caagtctctc ctgggggggag gagaggagag 720
aggcgagtcc agtgaggagc tccatcgctt cacaacccca tgtaggacac taagcgcaag 780
caggagagag aacccttgga agtgaggggt agggagccgg aagggatgga aaggcacaca 840
gctcctgagc atgaattaaa ccatttctca gatattctgc aagctgcatg aggtcccggg 900
atatccatgc taattctcgg attaaccttt aattcaccca actaagaaat ttctccaagc 960
cataagcata tgagtgttta atactggaaa agagataatg gcatatgtca gtctcacgtc 1020
tctttcgcag cgagcaatga aatgggtgac tgtggaggca gattctccct agcacatctt 1080
ctccgtctgt tcagttcaca cgcagcagcc agttctgcgg gggcataggc agctatgcgg 1140
ttggtcctga gccctgcgat gctggctggg cggggggctg tgtggtgccc tgtggctggg 1200
tggtggcagg gggggagcca gtctgcagct gggcctgaaa ctgggcaagc tgctcaggac 1260
tggccagtgt cttcagcaga ttgttctcct gctccagctg ggaatttttc tctattagtt 1320
ctttgatttg ctctttgagg acctccactt cttctctgac cgcatacatc aaatggcttt 1380
tcaactagat catagcttgc tcgattttgt tgtcaatagc taccacactt gcaccagagg 1440
aggtttaagg gagtcagacc ccggtccccg gagctgtgtc ccgcggc 1487

```

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 887 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

```

35 cgcccgggcg caagcgccaa gagcggctgc gtctatggtc atgacgtctg acagagcgtc 60
caccggtctt cgacaggact ctatggttct tacgcgcgca gacagaccgc ctatataagc120
catgcgcagg cggaggagcg cctctttccc ttcggtgtgc cactgaagat cctggtgtcg180
ccatggggccg ccgccccgcc cgttggtacc ggtattgtaa gaacaagccg taccctaaagt240
ctcgttcttg ccgaggtgtc cctgatgccca agattcgcat ttttgacctg gggcgaaaa300
40 aggcaaaagt ggatgagttt ccgctttgtg gccacatggt gtcagatgaa tatgagcagc360
tgtcctctga agccctggag gctgcccga tttgtgccaa taagtacatg gtaaaaagtt420
gtggcaaaaga tggcttccat atccgggtgc ggctccacc cttccacgtc atccgcatca480
acaagatggt gtcctgtgct ggggctgaca ggctccaaac aggcattgca ggtgcctttg540
45 gaaagcccca gggcactgtg gccagggttc acattggcca agttatcatg tccatccgca600
ccaagctgca gaacaaggag catgtgattg aggccctgca cagggcccaag ttcaagtttc660
ctggccgccca gaagatccac atctcaaaga agtggggcctt caccaagttc aatgctgatg720
aatttgaaga catggtggct gaaaagcggc tcatcccaga tggctgtggg gttcaagtac780
atccccagtc gtggccctct ggacaagtgg cgggccctgc actcatgagg gcgttcaagg840
50 tgctgcccc ctgcttaaag ctgagccgat agattgactt gctgtgc 887

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1487 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

tgggtgtggg agtgaggggt tacctccctc gccccaaggt tccagaggcc ctaggcggga 660
 tgggctcgct gaacctcgag gaactccagg acgaggagga catgggactt gcgtggacag 720
 tcagggttca cttgggctct ctctagctcc ccaattctgc ctgcctcctc cctcccagct 780
 gcactttaac cctagaaggt ggggacctgg ggggaggagc agggcaggcg ggcccatgaa 840
 gaaagcccct cgttgccag cactgtctgc gtctgtctct ctgtgccag ggtggctgcc 900
 agccactgc ctctgtcctg ggttgacctg gccctcctgg ctgttgacg gcgggcttct 960
 ggagcttgtc accattggac agtctccctg atggaccctc agtcttctca tgaataaatt1020
 ccttcaacgc caaaaaaaaa aaaaaaacag ccggggggga ccactagtct ctagagcggc1080
 cgccaccgag gtggagctcc agcttttgtt ccctttagtg agggttaatt tcgag . 1135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1271 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

acgttggaag agtttactgc accaattact tatctcattc tgcttacact acctcatccg 60
 cttcttcacc ttcttcatca taatcatcat catcatcttc aatagcttct ccagtaaaat 120
 ataacactga tcttgggatt atacgtcac gtaaaaagt accaatttcg aagtctgcag 180
 caaggatagc ttcagcatca tcatccagat ctccactctc aggaacttca ggaggggcaa 240
 aaaagttaaa gaaagagtca ttggaaactg ttttagtcac agtacgaact gtcccacgtc 300
 ccttggtgtt ctgcttcttc ttaatagtct tcaaagtgc attctttcct tttttccaat 360
 ctatctggca ccctgtacaa ccataattt ctggtccatc aaaagaaaag ggatcagaat 420
 catctggttc tgacctcatc ctgtatgtct ttgtcagcac ttcatttgta aaatattcat 480
 tgggttcaaa gtgaaattct aagacaaaac tcataggctg gccagcatct gagaacttca 540
 ctttaatatc tttcaagtgc ttcagaatag gttcatcgtg ttctgaaacc atatcactga 600
 gcaagtcaac attcttaaaa acagttaacc aaaattcagg aattcctttg ggttcttctt 660
 tttcttcac ctttttctca tcttcaatct tggccttttc tttcaattcc tccgaaatct 720
 catcttcttc atctggtttc cattcacatt cttcttccgt aggttcataa attgcattaa 780
 taatttcaaa tcgcttatca aatagaggct gatagagaac agcactatc ctttcaagat 840
 catgaacttc ctcatagaat ttggcttcta tctgtgcaca ttttaacttg aggtttttga 900
 gagcattcac tcgtctttta actaccctag gcaggctttc aatgtatcct gttggtgttt 960
 ctaccagacc atcaagtctt tcttgaaggg ctgcaagaat ctgaggattt tgcatcatct1020
 gaacagttag ctgacgtgct ttgagttttg tttcttcacc agtttcctct tcttctactt1080
 cttcaacatc atccaaatct tgatcaagtt cagactgttc tttgtgttca atgtctgccal140
 - tgttgtaaga actccaaata tcggcgacta gtatggggag ccaggcgggc ggactgcgcal200
 ggcagtgact cagggcggca gcggcagcag cagcgggagg agcaggaggc ggcgcgcgcal260
 gcagatggcg c

```

ggacatgctt ccccttgctc acctttgcag cctgtttctg tcatgtagtt tcaacaagtg 360
ctacctttga gtgtaaacta aggtagacta ctttgggaat gagaacatgc aaaatcagga 420
aaggctgtag aaggaaatat accttaacag gctgatttgg agtgagccag aaaaaaaaaa 480
5 taaaactctc attattttgtg tggctaatta taattcagcg ttattttaagc acataaagac 540
cccaaaaaaa aaaaaaaaga aatccaaaag atccaaaactt tttttaaact taaaaaatct 600
ctttgtagta tgtcagttgc actttttttc tgccataatg taacgtagct tgccccgtca 660
aaaattcaat taaaattcat ggccagcaat cctgttcccc ctacagcatcc tgatttaatt 720
10 ttctgtttgc ttttgcttgc ttctccattt aatagttact gaactttatg catgttgatc 780
tatattgatt ttcactgcag ttgaatgaac aaattatttc agtgtgacag ccatgactca 840
agttccaatt agtctgaaaa gggacttttg gaattgtccc atattaatca gagatggcaa 900
aagaaaaagt tctcatatta ccaggttgat tttgtgtctc atttcaaatt ttaatttaaa 960
attatggttt tcatttttgt ttaccttaaa gtgatgctta aaagtggcat gtaattagga1020
15 cacttaggtt tgttgaaagc attttcgaca tttgtataaa agaatttgtg ataaatatat1080
ccaggtgtc accaaagaaa catgtattaa caacttaaat tagatttttc taactgatat1140
tttctactca ttataaatca gtaggagaga ctgtctagat gttggggcag ctctatgatt1200
taagtctgta acatgttata actgaattta gtaccctagt tttgttaagc tattaggatt1260
ttctaataga acttactccc cctgcctccc cagccttatg tttcttttaa tgacttctgg1320
20 atcctgagct ccttttgcag tctgaaaaag gtattgcagt cagaactgtg tactgatgat1380
aaaagcctct ggtagcaata aaaagttgtc ctttaaaaaa aaaaaaaaag gggaaaagag1440
gaaggggagg aatgaagtcg ggaggggagg aatgaaaaag ggggggcgc ccc 1493

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1135 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

```

cacagggtcca cagagtcctt ggttcactgt gactcctgca tgccagccca catgaatcgg 60
gctaagggtcc ctgggggtgc agatgggtact gctgaggtcc cgggcttagt gtgagcatct 120
tgccagcctc aggtttgagg gagggctggg ctagaaagac cactggcaga aacaggaggtc 180
tccggcccca caggtttccc caaggcctct caccocactt cccatctcca gggaagcgtc 240
gccccagtgg cactgaagtg gccctccctc agcggagggg tttgggagtc aggcctgggc 300
aggaccctgc tgactcgtgg cgcgggagct gggagccagg ctctccgggc ctttctctgg 360
65 cttccttggc ttgcctggg ggggaagggg agggaggggaa gaaggaaagg gaagagtctt 420
ccaaggccag aaggaggggg acaaccccc aagaccatcc ctgaagacga gcatccccct 480
cctctccctg ttagaaatgt tagtgcccc cactgtgccc caagttctag gccccccaga 540
aagctgtcag agccggccgc cttctccctt ctcccaggga tgctctttgt aaatatcgga 600

```

DE 198 16 395 A 1

```

gaggaaatga acacatggat ccaggctatc tcttccgcca tctcctctga taaacacgag1260
gtgtctgccg gcacccagag caccgccgca tccagccgcg cgcagaccct cccaccagc1320
gtcgtcacca tcaccagcga gtccagtcct ggcaagcggg aaaaggacaa agagaaagac1380
aaagagaagc ggttcagcct ttttggcaaa aagaaatgaa ctcccttctcct tcacctcctg1440
cccttctctt accttttctag tgaatttcca gcatgcaagc tcagaaccaa cacattactc1500
tctgtgccta atgttctctca atgtgggttga tttttttttt tttttaattt atagagcatt1560
tcggggggggg tgggggaaac acacctaaac actttatctc caagttacaa aagtttgagg1620
tgcagaggga aggccagatt ttttttttaa tgaaattata tagattagat ctgagtattt1680
aaactgttcc tcaattttgt gaggctgtgt tggaaataac ccgcctctag tgctgttggt1740
atgcaaggca gcggtgctta atcaatattt cctgtgctca ccagaggcaa aatgtaccaa1800
tatcctgaca ccattctctc tccatttact tctggtggtt accctgactc ttgactctta1860
gaagtgcccg agatgggggt aacctttatt aaacagatcg catattatga tcttgctgca1920
gccacagtgc agctccacat taactctaca gaccaaacca tttgtatctg gcatcactta1980
ctaacacacg acatgcggct tttctgcac cactgctatg acggttaaga atgtcagtat2040
acaagaagga atagaaaact gatactgttt taaataatct gtaatttcaa tttttttttt2100
ttggctggct gaaatacatt atattgtaag tttgagataa ttctagtaca aagtataata2160
aaactagatg tataataaac cctttaaatc attggtaagt gtacaagtgg tggaaactgaa2220
gcatttactg gacaaagtaa tgttactcta atggttactt gctcgtgctg tgccacactg2280
tggtataatt tgcttcattt ccttgctatt tgatacatag tgtgcatttc tctgtcactg2340
taactattgt aatgacaaat tttcatctta ctgcacaatc aaaatgacat tgataggaa2400
gaactccaga ggctgggcct gaacaggagc gtgggtcgctc aggcctgggtg ctgagtcgta2460
cgacctgtac ctctcaactt ttgccctatc tggttaaatat atgctatgtc attaaatgct2520
tttaaatcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2559

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```

aaccctcaa gcacacccgg tgaacctgtg accaaggcgt gttcaactac accctccctc 60
tgtccccagg cccagacttc ttccaaggac aacagcaagc cagaagtgcc agtcagaggt 120
acagcagcct tttaccatca tctcccagct gccagtgggt gcaagcagac ctctactaaa 180
cgcaaagtag aggaaatgga agtggatgac ttctatgatg gaatcaaacg gctctataat 240
gaagataatg tctcagaaaa tgtgggttct gtgtgtggca ctgatttatc aagacaagag 300

```

tcaggaatcg gctctggaag gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa420
 agacaccatc ggaacagcag cgcccgagc acccaccgac caccggcgac tccatcttca480
 tggccacccc ctgcggcgga cgggtgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct540
 5 cctccagcgg gatgacgccc tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc600
 tctttgtttc tgagctttcc tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac660
 tctgtttccc ccgtcccttc tgaatttaaat ttgcactaag tcatttgac tggttgaggt720
 tgtggagacg gccttgagtc tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt780
 gcctgtgcag ggcccgccg ccctccatct ggggcccggg tgactggggc gccggcttgt840
 10 gttgcccag ggcttcaccc tggcccttcg gcctagtctt gggaagggtc cggaccgaac900
 attcaaggga ggcaagcctt tcaaggcatt tccattaagg ggcccca 947

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2559 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

ctggaagcct ggaatccctt cctggacccc ttttgaagcc ccagggtccg gcttgtggac 60
 acagggacaa gtcccttct tcagcatgtg ccccccctcat ctcatatcga ggtctcatcc 120
 50 cacaaccaag ccaggagaa gccaaaggat gtatcatctg ttgaactctt aatgaataat 180
 catcaaggca tcaaagctga aattgatgca cgtaatgaca gtttcacaac ctgcattgaa 240
 cttgggaaat ccctgttggc gagaaaacac tatgcatctg aggagatcaa ggaaaaatta 300
 ctgcagttga cggaaaagag gaaagaaatg atcgacaagt gggaagaccg atgggaatgg 360
 ttaagactga ttctggaggt ccatcagttc tcaagagacg ccagtgtggc cgaggcctgg 420
 55 ctgcttggac aggagccgta cctatccagc cgagagatag gccagagcgt ggacgaggtg 480
 gagaagctca tcaagcgcca cgaggcattt gaaaagtctg cagcaacctg ggatgagagg 540
 ttctctgccc tggaaaggct gactacattg gagttactgg aagtgcgcag acagcaagag 600
 gaagaggaga ggaagaggcg gccgccttct cccgagccga gcacgaaggt ttcagaggaa 660
 60 gccgagtccc agcagcagtg ggatacttca aaaggagaac aagtttccca aaacggtttg 720
 ccagctgaac agggatctcc acggatggca gaaacggtgg acacaagcga aatggtcaac 780
 ggcgctacag aacaaaggac gagctctaaa gagtccagcc ccatcccctc cccgacctct 840
 gatcgtaaag ccaagactgc cctcccagcc cagagtgcgg ccaccttacc agccagaacc 900
 caggagacac cttcggccca gatggaaggc ttcctcaatc ggaaacacga gtgggaggcc 960
 65 cacaataaga aagcctcaag caggtcctgg cacaatgttt attgtgtcat aaataaccaal1020
 gaaatgggtt tctacaaaga tgcaaagact gctgcttctg gaattcccta ccacagcgag1080
 -gtccctgtga gtttgaaaga agctgtctgc gaagtggccc ttgattacaa aaagaagaaal140
 caggtattca agctaagact aaatgatggc aatgagtacc tcttccaagc caaagacgat1200

actggcatga agcctgtttc cactgctcgc agtgcagaaa ctactgggtg gacaagccct 360
 ttgttgccaa ggaggaccag ctgctctgta cagactgcta ttccaacgag tactcatcca 420
 agtgccagga atgcaagaag accatcatgc caggtagccg caagatggag tacaagggca 480
 gcagctggca tgagacctgc ttcatctgcc accgctgcc aacagccaatt ggaaccaaga 540
 gtttcatccc caaagacaat cagaatttct gtgtgccctg ctatgagaaa caacatgcc 600
 tgcagtgcgt tcagtgc aaa aagcccatca ccacgggagg ggtcacttac cgggagcagc 660
 cctggcaca ggagtgttc gtgtgcaccg cctgcaggaa gcagctgtct gggcagcgt 720
 tcacagctcg cgatgacttt gcctactgcc tgaactgctt ctgtgacttg tatgccaaga 780
 agtgtgtctg gtgcaccaac cccatcagcg gacttggtgg caaaaatac atctcctttg 840
 aggaacggca gtggcataac gactgcttta actgtaagaa gtgtccctc tcaactgggtg 900
 ggcgtggctt cctcacagag agggacgaca tcctgtgccc cgactgtggg aaagacatct 960
 gaattcaaca cagagaagtt gctgcttggt atctcacaca cagattttta tgttttcttt 1020
 ctcaoccagg caatcttgcc ttctggtttc ttccagccac attgagactt tcttctagt 1080
 cttttcagtg atactcacgt ttgcttaaac cctttagtgc tttgtgatag ttcagtccca 1140
 gggaaagaga aaactcggcc tagggccctag gtgggaagat gggttgaaat ttttgtaatc 1200
 gagtaaggca caccctaatg taaaaatcct tttgaatgat gcctttataa atctttctct 1260
 cactgtctat ttaagtgc aa ttaacatag tcacgaactt gaaagtttt taaactcaat 1320
 aaggtaatga ccagttgtta tttacagctc tgtaacctcc cgttgcgta agtctaaacc 1380
 aagattatgt gacttgcaat aaagtatttc agaacagaaa attttgccag gcacagagt 1440
 tgaaatcatg attacaggtc gaggcactga gtctaagtaa cactttattg catgggtccc 1500
 tggtcactgt atgaagtgc gttccaatgt tccaatggcc tggggcattg ccaactggaa 1560
 cagcatcaca ccctttaag gaggc 1585

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

ggagacgagg ccaggtctcc agctgggggtg gacgtgccca ccagctgccg aaggcaagac 60
 gccaggtccg gtggacgtga caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca 120
 gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg caagaagcgg 180
 gtctgtttct ttacttcctc cacggagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag 240
 aaccacaac atgaaagaaa tgggtgtacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac 300
 acaaaaccct ctagcttgga aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac 360

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```

15  gcgtcgactt tttttttttt tttttttttg atgctcaaac acagctttta ttttacttca 60
    aagtttacct cagatcagcc tgggaagggt aggggaatga agcagatgct gttaaagggt120
    catgggagag aaaaggatc tgtgggaaga gaataatctc ttttgacttc gtgtgctgcc180
    tcacggacac actggagcag ggattgggcc cccaaggcct caggtagccc cgtgcctgtg240
    gctttgctgg gtgcagccta cgtggctgct cgaatgggtt gcaggctggt gcctaaagct300
20  ttcccaaggg ggcgctgcat gctgccactg actccacagt tctggggtcc tgggtggtggt360
    caggtcctgc tcccagcgt ccacaaggca ctctctcctg tggcctggat ccactagaca420
    ctagacattt ccctggtggg ggccctctgt ggcagctgca cctcacattt ccacttagca480
    tcaacttagt ggaggtctc tgtgggctgg gcatgctagc tcagttctct tttcctcctc540
25  ttataaagcc accagtccca ttctgtgca taaccatta atccattaa ccccatgcaa600
    tgcaaggcca cagccttcac
                                           620

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1585 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

```

65  ggagctgcgc acgtccaact cggccggcag cggaccgcag ccaccagccg cccgcgccct 60
    ccagccccgt ccgggagtc ccggcccgt gcggtgccgt tgctgaaaag ccaggagtca 120
    aaatgactga gcgctttgac tgccaccatt gcaacgaatc tctctttggc aagaagtaca 180
    tcctgcggga ggagagcccc tactgcgtgg tgtgctttga gaccctgttc gccaacacct 240
    gcgaggagtg tgggaagccc atcggtgtg actgcaagga cttgtcttac aaggaccggc 300

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```

actacgtcac ccgcacctac agcctgggca ggcgcgtcgc ccagcaccag ccgcagcctc 60
tacgcctcgt ccccgggcgg cgtgtatgcc acgcgcctcct ctgccgtgcg cctgcggacg 120
acgtgcccgg ggtgcggctc ctgcaggact cgggtggactt ctcgctggcc gacgccatca 180
acaccgagtt caagaacacc cgcaccaacg agaaggtgga gctgcaggag ctgaatgacc 240
gcttcgccaa ctacatcgac aaggtgcgct tcctggagca gcagaataag atcctgctgg 300
ccgagctcga gcagctcaag ggccaaggca agtcgcgcct gggggacctc tacgaggagg 360
agatgcggga gctgcgcggg caggtggacc agctaacca cgacaaagcc cgcgtcgagg 420
tggaagcgga caacctggcc gaggacatca tgcgcctccg ggagaaattg caggaggaga 480
tgcttcagag agaggaagcc gaaaacaccc tgcaatcttt cagacaggat gttgacaatg 540
cgtctctggc acgtcttgac cttgaacgca aagtggaaatc tttgcaagaa gagattgcct 600
ttttgaagaa actccacgaa gaggaaatcc aggagctgca ggctcagatt caggaacagc 660
atgtccaaat cgatgtggat gtttccaagc ctgacctcac ggctgccctg cgtgacgtac 720
gtcagcaata tgaaagtgtg gctgccaaga acctgcagga ggcagaagaa tggtaacaaat 780
ccaagtgttc tgacctctct gaggtgccca accggaacaa tgacgccctg cgccaggcaa 840
acgaggagtc cactgagtac cggagacagg tgcagtcctt cacctgtgaa gtggatgccc 900
ttaaaggaa caatgagtc ctggaacgcc agatgcgtga aatggaagag aactttgccg 960
ttgaagctgc taactaccaa gacactattg gccccctgca ggatgagatt cagaatatga 1020
aggaggaaat ggctcgtcac ttcgtgaata ccaagacctg cccaatgttt agatgggctt 1080
gacattgaga ttgccactac aggaactgct tgaaacgagg a 1121

```

25

30

35

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 620 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

..(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57:

```

35 cttggccatg aaatgtgtgg gagtggcttt tccctaactt gactcttctt tcagtgggag 60
   agaactattg agaggaacaa agagcttata aatacattag gacctggaat tcagttgtcg 120
   agccaggacg gtgacagcgt ttaacaaagc ttagagaaac ctccaggaga ctgctatcat 180
   ggcagagaag cccaagctcc actacttcaa tgcaaggggc agaatggagt ccacccgggtg 240
   gtccttggtc gcagctggag tagagtgttg agagaaatct ataaaatctg cagaagattt 300
40 ggacaagtta agaaatgatg gatattttgat gttccagcaa gtgccaatgg ttgagattga 360
   tgggatgaag ctggtgcaga ccagagccat tctcaactac attgccagca aatacaacct 420
   ctatgggaaa gacataaagg agagagccct gattgatatg tatatagaag gtatagcaga 480
   tttgggtgaa atgatcctcc ttctgcccgt atgtccacct gagggaaaaa atgccaagct 540
   tgccttgatc aaagagaaaa taaaaaatcg ctacttcctt gcctttgaaa aagtcttaaa 600
45 gagccatgga caagactacc ttgttgga caagctgagc cgggctgaca ttcattctggt 660
   ggaacttctc tactacgtcg aggagcttga ctccagtctt atctccagct tccctctgct 720
   gaaggccctg aaaaccagaa tcagcaacct gccacagtg aagaagtctt tacagcctgg 780
   cagcccaagg aagcctccca tggatgagaa atcttttagaa gaagcaagga agattttcag 840
50 gttttaataa cgcagtcag gaggccaaga acttgcaata ccaatgttct aaagtcttgc 900
   aacaataaag tactttacct aagtgttgat tgtgcctggt gtgaagctaa tgaactcttt 960
   caaattatat gctaattaaa taatacaact cctattcgct gacttagtta aaattgattt1020
   gttttcatta ggatctgatg tgaattcaga tttccaatct tctcctagcc aaccattttc1080
   ctggaattaa aaattcagta aaaaaggaaa atataaaaaa aaaaaaagga ggaaaaggag1140
55 gggggg                                     1145

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1121 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

```

cgggtccacc gttcagactt cagtactgag ggagagagaa gaggggagag aagagaggag 60
gaagaggatg acctgagtga gctgccaccg ctggaggaca tgggacaacc cccggcggag 120
gaggctgagc agcctggggc cctggcccga gagttccttg ctgccatgga gcccagagccc 180
gccccagccc cggccccaga agagtggctg gacattcttg ggaacgggct gttgaggaag 240
aagacgctgg tcccaggggc gccagggttc agccgcccgg tcaagggcca ggtggtcacc 300
gtacatctgc agacgtcgct ggagaatggc acacgggtgc aggaggagcc ggagctgggtg 360
ttcactctgg gtgactgtga cgtcatccag gccctggatc tcagtgtccc actcatggac 420
gtgggggaga cggccatggt cactgctgac tccaagtact gctacggccc ccaaggcagc 480
aggagcccat acatcccccc gcacgcgggc ctgtgcctgg aggtgaccct gaagacggct 540
gtggacgggc ctgacctgga gatgctcacg gggcaggagc gcgtggccct ggccaaccgg 600
aagcgggagt gcggcaacgc ccactaccag cgggcggact tcgtcctggc cgccaactcc 660
tacgacctcg ccatcaaggc tatcacctcc agcgccaaag tggacatgac gttcgaggag 720
gaggcacagc tcctgcagtt gaaggtgaag tgtctgaaca acctggcggc ctccgagctg 780
aagctcgacc actaccgcgc agcctgcgct cctgcagcct tgtgctggag caccagccag 840
acaacatcaa ggctctcttc cgcaagggca aggtgctggc ccagcagggg gagtacagtg 900
aggccatccc catcctgagg gcagccctga agctggaacc ttccaacaag acgatccacg 960
cagagctctc aaagctgggtg aagaagcatg cggcgagggg agcacggaga ccgccttgta1020
ccggaaaatg ctgggcaacc ccagccggct gcctgctaag tgccctggca aggggtgctg1080
gtccatccca tggaagtggc tgtttggggc gactgctgtt gccttggggg gtgtggcact1140
ctctgtggct atcgttgcca ggaactgacc acctaggtgg ctgcgacccc ctctgcacac1200
catggaccct gccctgcgct ccccaactcc ccaggtctcc ctgtccactg ccctccctgg1260
tctggcccc tcctccgggt taggggagca aggattgggg gtcgtgcagc ccagccagca1320
ggagggactg aggccctcta ggaggaaag ccagaggggg ggggccctca ttccttcaga1380
cccagttttc ccccaccctc cttaccccg c tgggctaggt ctccgccagg gctggcctca1440
gtttctcctc aacaggcctg ggggcagccc ttccctgcc tagtccccgc ctgagtgccal500
gccccccacc ccgcctgcg cccctgtcc aggttccttc cccgccacag tgaaataaag1560
catccccccc tgcaaaaaaa a 1581

```

```

ttccaggaaa aaataaaaag agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt1860
tgagataaag tcaaatgcca aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaag1920
cctcatttga atgtgtgaat tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt1980
5 ttgaaaaaat aaatttaaaa atacattcaa aattacaaaa gaaaaaaaaa aaaagaaaaa2040
agaaaaaag aaaaaaagaa gaaaaggga aaagaggt 2078

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

```

tgagccagga tgagccagga gaaggaattt cacaagggag aagctcggca acgtggagtc 60
ggtttatgtc atcgaccctg aagatgtggc ccttctcttt aagtcaggag gccccaaccc 120
agaacgattc ctcatcccg cctgggtcgc ctatcaccag tattaccaga gacccatagg 180
45 agtcctgttg aagaagtcgg cagcctggaa gaaagaccgg gtggccctga accaggaggt 240
gatggctcca gaggccacca agaacttttt gccctgttg gatgcagtgt ctcgggactt 300
cgtcagtgtc ctgcacaggc gcatcaagaa ggcggtctcc ggaaattact cgggggacat 360
cagtgatgac ctgttccgct ttgcctttga gtccatcact aacgtcattt ttggggagcg 420
ccaggggatg ctggaggaag tagtgaaccc cgaggcccag cgattcattg atgccatcta 480
50 ccagatgttc cacaccagcg tccccatgct caaccttccc ccagacctgt tccgtctgtt 540
caggaccaag acctggaagg accatgtggc tgcatgggac gtgattttca gtaaagctga 600
catatacacc cagaacttct actgggaatt gagacagaaa ggaagtgttc accacgatta 660
ccgtggcatc ctctacagac tcctgggaga cagcaagatg tccttcgagg acatcaaggc 720
55 caacgtcaca gagatgctgg caggaggggt ggacacgacg tccatgacct tgcagtggca 780
cttgtatgag atggcacgca acctgaaggt gcaggatatg ctgcgggcag aggtcttggc 840
tgcgcgccac caggcccagg gagacatggc cacgatgcta cagctggtcc ccctcctcaa 900
agccagcatc aaggagacac taagacttca ccccatctcc gtgacctgc agagatatct 960
tgtaaattgac ttggttcttc gagattacat gattcctgcc aagacactgg tgcaagtggc1020
60 catctatgct ctgggcccag agcccacctt cttcttcgac ccggaattt ttgacccaac1080
ccgatggctg agcaaagaca agaacatcac ctacttccgg aacttgggtt ttggctgggg1140
tgtgcggcag tgtctgggac ggcggatcgc tgagctagag atgacctct tctcatcaa1200
tatgctggag aacttcagag ttgaaatcca acacctcagc gatgtgggca ccacattcaa1260
cctcattctg atgctgaaa agcccatctc cttcaccttc tggcccttta accaggaagc1320
65 aacccagcag tgatcagaga ggatggcctg cagccacatg ggaggaaggc ccaggggtgg1380
ggcccatggg gtctctgcat cttcagtcgt ctgtcccaag tcctgctcct ttctgccag1440
cctgctcagc aggttgaatg ggttctcagt ggtcaccttc ctcagctcag ctgggccact1500
cctcttcacc caccatgg agacaataaa cagctgaacc atgaaaaaaa aaaaaa 1556

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2078 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54:

tacaataaga	caaatttcaa	atcaagttgc	tccactatac	tgcataagca	gtttagaatc	60	
ttaagcagat	gcaaaaagaa	taaagcaaat	gggaggaaaa	aaaaggccga	taaagtttct	120	35
ggctacaata	caagagacat	atcattacca	tatgatctaa	tgtgggtgtc	agccggattg	180	
tgttcattga	gggaaacctt	atTTTTTaa	tgtgctatgg	agtagaagca	ggaggttttc	240	
aacctagtca	cagagcagca	cctaccccc	cctcctttcc	acacctgcaa	actcttttac	300	
ttgggctgaa	tatttagtgt	aattacatct	cagctttgag	ggctcctgtg	gcaaattccc	360	40
ggattaaaag	gttccctggg	tgtgaaaata	catgagataa	atcatgaagg	ccactatcat	420	
cctccttctg	cttgacaaag	tttcttgggc	tggaccgttt	caacagagag	gcttatttga	480	
ctttatgcta	gaagatgagg	cttctgggat	aggcccagaa	gttcctgatg	accgcgactt	540	
cgagccctcc	ctaggcccag	tgtgccccct	ccgctgtcaa	tgccatcttc	gagtgggtcca	600	
gtgttctgat	ttgggtctgg	acaaaagtgc	aaaggatctt	ccccctgaca	caactctgct	660	45
agacctgcaa	aacaacaaaa	taaccgaaat	caaagatgga	gactttaaga	acctgaagaa	720	
ccttcacgca	ttgattcttg	tcaacaataa	aattagcaaa	gttagtcctg	gagcattttac	780	
acctttgggtg	aagttggaac	gactttatct	gtccaagaat	cagctgaagg	aattgccaga	840	
aaaaatgccc	aaaactcttc	aggagctgcg	tgcccatgag	aatgagatca	ccaaagtgcg	900	
aaaagttact	ttcaatggac	tgaaccagat	gattgtcata	gaactgggca	ccaatccgct	960	50
gaagagctca	ggaattgaaa	atggggcttt	ccagggaatg	aagaagctct	cctacatccg	1020	
cattgctgat	accaatatca	ccagcattcc	tcaaggtctt	cctccttccc	ttacggaatt	1080	
acatcttgat	ggcaacaaaa	tcagcagagt	tgatgcagct	agcctgaaag	gactgaataa	1140	
tttggctaag	ttgggattga	gtttcaacag	catctctgct	gttgacaatg	gctctctggc	1200	55
caacacgcct	catctgaggg	agcttcactt	ggacaacaac	aagcttacca	gagtacctgg	1260	
tgggctggca	gagcataagt	acatccaggt	tgtctacctt	cataacaaca	atatctctgt	1320	
agttggatca	agtgacttct	gcccacctgg	acacaacacc	aaaaaggctt	cttattcggg	1380	
tgtgagtctt	ttcagcaacc	cggtccagta	ctgggagata	cagccatcca	ccttcagatg	1440	
tgtctacgtg	cgctctgcca	ttcaactcgg	aaactataag	taattctcaa	gaaagccctc	1500	60
atTTTTTataa	cctggcaaaa	tcttgттаat	gtcattgcta	aaaaataaat	aaaagctaga	1560	
tactggaaac	ctaactgcaa	tgtggatggt	ttaccacat	gacttattat	gcataaagcc	1620	
aaatttccag	tttaagtaat	tgccataaat	aaaaagaaat	tttgccctgcc	atTTTcagaa	1680	
- tcatcttttg	aagctttctg	ttgatgttaa	ctgagctact	agagatatte	ttatttcaact	1740	
aaatgtaaaa	tttgagataa	atatatatgt	caatatttag	taaagctttt	ctTTTTTaat	1800	65

5 tgctgtgctg ctgacaactc ttgcccttgt ctcttgcgct gccgttcccg ttccaatgcc 660
 tcccgttctt ctctttcttc acgtccccgc tgcttctggg ccaccagctc caacatcctc 720
 ttagtttgtt cctgtctttc ctcttcaact aaagcgggtt tgccttctcc ggcagcagaa 780
 ccagatcctt caaggccgcc ttgctctgag gaagtgggct cccgtcccag gatatgtcca 840
 aggggagtct ctaaaggctc gtccacatcg gggctcgtctt cgtgctccat cagccagtcc 900
 atcgcagcct cgatgccctg gttccctgtg agggccagag ccttctccgc gcgtcccctg 960
 gggaagccca tctcgatgag actctcaaga gccgtcactc cgccatggcg ccgacaccgc 1020
 10 ggcttccgcg gggacctggt gtgtgacgag aaggaggcg ggaagggtca gcgcgaggca 1080
 acccgccctc gacaccgcc gacgggcgct cgctctctca cccggctcta tagcagccgg 1140
 gaacaccgac gagaagaaag ccgaggggaa gcggaag 1177

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1116 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

50 aaagactgca aaactgcctg aaatgtgttt tggcatcagc tactgacacg taaggtttcc 60
 caatcctcaa ctctgtcctg ccagctgatg aggggaagga aagggttac ctaggggtat 120
 gggcgaccaa tcttgagtcc accaactgac cacgcccac cccagccttg tgcctcacct 180
 accccaacc tcccagagg agcagctatt taaggggagc aggagtgcag acaaaacaag 240
 acggcctggg gatacaactc tggagtcctc tgagagagcc accaaggagg agcaggggag 300
 cgacggccgg ggcagaagtt gagaccacc agcagaggag ctaggccagt ccatctgcat 360
 ttgtcaccca agaactctta ccatgaagac cctcctactg ttggcagtga tcatgatctt 420
 55 tggcctactg caggcccatg ggaatttggt gaatttccac agaatgatca agttgacgac 480
 aggaaaggaa gccgcactca gttatggctt ctacggctgc cactgtggcg tgggtggcag 540
 aggatccccc aaggatgcaa cggatcgctg ctgtgtcact catgactgtt gctacaaacg 600
 tctggagaaa cgtggatgtg gcaccaaatt tctgagctac aagtttagca actcggggag 660
 60 cagaatcacc tgtgcaaaac aggactcctg cagaagtcaa ctgtgtgagt gtgataaggc 720
 tgctgccacc tgttttgcta gaaacaagac gacctacaat aaaaagtacc agtactattc 780
 caataaacac tgcagaggga gcacccctcg ttgctgagtc ccctcttccc tggaaacctt 840
 ccaccagtg ctgaatttcc ctctctcata ccctccctcc ctaccctaac caagttcctt 900
 ggccatgcag aaagcatccc tcacccatcc tagaggccag gcaggagccc ttctataccc 960
 65 acccagaatg agacatccag cagatttcca gccttctact gctctcctcc acctcaactc 1020
 cgtgcttaac caaagaagct gtactccggg gggctctctt tgaataaagc aattagcaaa 1080
 tcatgaaaaa gaagaaaaaa gagaaaaagg agtaaa 1116

```

gagacagagg ctctagggcg gtcccagggc cgcctggagg cccagaagag agagctgcag1260
caggctgtgc tgcacatgga gcagcggagg cagcagcagc agcagcagca aggccacaag1320
gccccggctg cccaccctga ggggcagctc aagttccacc cagacacaga cgatgtacct1380
gtcccagctc cagccgggtga ccagaaggag gtggacactt cagaaaagaa acttctcgag1440
cggctccctg aggttgagggt gcccagcat ctgtgatcct ccgggacccc agccctcagg1500
attcctgatg ctccaaggcg actgatgggc gctggatgaa gtggcacagt cagcttccct1560
gggggcccgt gtcatgttggt gctcctgggg cgggggcacg gcctggcatt tcacgcattg1620
ctgccacccc agatccacct gtctccactt tcacagcctc caagtctgtg gctcttccct1680
tctgtectcc gaggggcttg ctttctctcg tgtccagtga ggtgctcagt gatcggctta1740
acttagagaa gcccgccccc tccccttctc cgtctgtccc aagaggggtc gctctgagcc1800
tgcgttccta ggtggtcgg cctcagctgc ctgggttggt gccgcccctag catcctgtat1860
gccacagct actggaatcc ccgctgctgc tccaggccaa gcttctggtt gattaatgag1920
ggcatggggg ggtccctcaa gaccttcccc taccttttgt ggaaccagtg atgacctaaa1980
gacagtgtcc cctccacagc tgggtgccag gggcagggga tcctcagtat agccggtgaa2040
ccctgatacc aggagcctgg gcctccctga acccctggct tccagccatc tcatcgccag2100
cctcctcctg gacctcttgg cccccagccc cttccccaca cagccccaga aggggtcccag2160
agctgacccc actccaggac ctaggcccag cccctcagcc tcatotggag cccctgaaga2220
ccagtcccac ccacctttct ggctcatct gacactgctc cgcactcctg tgtgtgtcct2280
gttccatgtt ccggttccat ccaaatacac tttctggaac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaacg ctattgccac gtcacctgcc ggagtcctca2400
tctttgaaga tggattcaag catcatt
2427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1177 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52:

```

aaaacttttt tttttttttt ttttacagaa ctcagggtct atttattagg aaggagatgt 60
cagtgcctta tcaaagatga aggggtcaca gagggacaat gggacaaagg ccctcagctg 120
ggacatttct tgccacaat gagaacagca gaaggcacga gtcccagctc ctgcagaggc 180
cgctccatgt cagcttctga gaaggccgt ctggggaagc cactgagcaa ttgcacaggg 240
tcttggtccc cacctagtgc ctccccacgg tggagctcca catagagcct cacagctgcc 300
agctgttccc gggcccggaa cgtctgggtc agtgaggctc catctggcag cctgacctgt 360
atgcgacact ggtcatactc ccgcttggtg ggaggctcct ggctgggaga agagggaaca 420
ggacctggct ctggtgccac tgggggtggc tgagagccca cactgccacc atacttcttg 480
gctctctctg ctttgtccct ctcgatcttt tctctaactc tttgtctggc tgctaactcc 540
tcggcctttt ccctccgcct ctccctcagca gcccggcgca tctcatcttc ctgtagccgc 600

```



```

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaaccggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcgcg tggacctcga ccagctgctg120
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccaggcgcg cggctgaacc180
5 ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgcct gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
ccgagatggt gggcagcatg gtgggctgtc acaacggcaa gaccttcaac cagggtggaga360
tcaagcccga gatgatcggc cactacctgg gcgagttctc catcacctac aagcccgtaa420
10 agcatggccg gcccggcacg gggggccacc actcctccc cttcatccct ctcaagtaat480
ggctcagcta ataaaggcgc acatgactcc agaaaagaaa aagaaggggg ggcgcgctaa540
aggatcga 548

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2427 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:51:

```

ctctgtggat aagtgggctg ggtctagggg ggaagtcacc aagaacgcac cggaggtcct 60
tgcccgcctt ggaaaacgcc ctctgcggtg aaggagagac cacactgccg tgcctccctc 120
50 tgggccccga ggaacctctt gttgccgtg ggtcgcgccg tgctggctgt ccccttgag 180
cgagggggcg ccaacaagga ggagaccctt gcgactgaga gtcccgcac aggcctgtac 240
taccaccggt acctccagga ggtcatcgat gtactggaga cggatgggca tttccgagag 300
aagctgcagg ctgccaatgc ggaggacatc aagagcggga agctgagccg agagctggac 360
tttgtcagcc accacgtccg caccaagctg gatgagctca agcgacagga ggtgtcacgg 420
55 ctgcggatgc tgctcaaggc caagatggac gccgagcagg atcccaatgt acaggtggat 480
catctgaatc tcctgaaaca gtttgaacac ctggaccctc agaaccagca tacattcgag 540
gcccgcgacc tggagctgct gatccagacg gccaccggg accttgccca gtacgacgca 600
gcccacatg aagagttcaa gcgctacgag atgcttaagg aacacgagag acggcggttat 660
60 ctggagtcac tgggagagga gcagagaaag gaggcggaga ggaagctgga agagcaacag 720
cgccggcacc gcgagcacc taaagtcaac gtgcctggca gccaaagcca gttgaaggag 780
gtgtgggagg agctggatgg actggacccc aacaggttta accccaagac cttcttcata 840
ctgcatgata tcaacagtga tgggtgtcct gatgagcagg agctggaggc actcttcacc 900
aaggagctgg agaaagtgtg cgaccctaa aatgaggagg acgacatgcg ggagatggag 960
65 gaggagcgac tgcgcacg gcgacatgtg atgaagaatg tggacaccaa ccaggaccgc1020
ctcgtgaccc tggaggagtt cctcgcatcc actcagagga aggagtttgg ggacaccggg1080
-gagggctggg agacagtga gatgcaccct gcctacaccg aggaagagct gaggcgcttt1140
gaagaggagc tggctgcccg ggaggcagag ctgaatgccg agggccagcg cctcagccag1200

```

```

gcccgtgtcg cccgtcagtc gccatggaag tgcagaaaaga ggcacagcgc atcatgaccc 360
tgtcgggtgtg gaagatgtat cactcccgcga tgcagcgcgg tggcctgcgg ctgcaccgga 420
gtctgcagct. gtcgctggtc atgcgcacgc ccgggagctc tacctctcgg ccaaggtgga 480
ggccctcgag cccgaggtgt cgttgccggc cgccctcccc tctgaccctc gcctgcaccc 540
gccccgagaa gccgagtcca cggccgagac agcgaccccc gacggtgagc acccgtttcc 600
ggagccaatg gacacgcagg aggcgcgcag agccgaggag acctccgcct gctgtgcccc 660
gcgccccgcc aaagtcagcc gcaaacgacg cagcagcagc ctgagcgacg gcggggacgc 720
tggactggtc ccgagcaaga aagcccgtct ggaagaaaag gaagaagagg agggagcgtc 780
atccgaagtc gccgatcgcc. tgcagccccc tccggcgcaa gggagggcgc ctttcccaac 840
ctggcccgcg tccctgcagag gcgcttctcc ggctcctga actgcagccc cgcgccccc 900
ccgacggcgc cgcccgcgtg cgaggcaaaag cccgcttgcc gcccggcgga cagcatgctc 960
aacgtgctcg tgcggggcgt ggtggccttc tgaggacccc gagcggcgct gccggagccc1020
agagcgcgcg tcgaaccgtc ggcccgaggg cgagacctg aggcgaggcc acccccctcc1080
atcctggggg aagcgcccgc gaaaaccgtg gagagaagcc gccgcccggg ctgctgagag1140
gcccggagag ggactctgtc cccggggagc catcgccctc agtgtgcagg gacggcaccg1200
aggagtctga gccggggggc cgggcgccct ccgcagagac ctgcgcccac aggtgctgtc1260
ttagtggaact gggacgtgaa cctttcgtc tccttctgga ctgggagaag ggaggcttgg1320
gtgttgtgtt ttttgttttg tttgtgtgtt tgttttttaa gatctcctca gggtcggact1380
tcattttgta ctgtgggctg tgcctggcct ttcaaggttt ttcaagagtt ggttttgcgt1440
ttccaacctc ggagaattcc aggcactccc cttccccctc cgctgacata cttgtataag1500
cggtcatcgt tgcgtcatgg ggcaggcgtg gggagcttcc tgcgccttg cgtgggtgtg1560
gggcctggga ggaggtcctg gggcgtgcac ccgccttggg cagtggggag gagagtggcc1620
tgagttactt cacccccgcg tgctgctggg taatgtcccg cgtctctgca ccttcgggtg1680
ggagcgggga ctgatctact ttcacattct caagtttttc tcatctgcat tagaggtgcc1740
cagtaggttc ccaggttcca gcgtgcccct ccctcagaca cacggacaca atcagccgag1800
aagttcctgg tctgaatcac gagaatgtgg aggggtgggg ggtgtcagtg gaaaggcata1860
aggctgagct gagaccagtt gctggtgaaa ctggggccaa ctggggaggg gaacatcctt1920
gccagggagt ttctgagggg ctgctttgtt tacctttcgt gcggtggatt ctttttaact1980
ccgtctacct ggcgttttgt tagaaatgtc agataggaaa ataaaaacca tttgagtaaa2040
aaaaaaaaa aagtaacatt gatgactcgc tcagtg 2076

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

.- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48:

```

10  tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaaag 60
    ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
    ccctcatcaa ttgtggaggt cctttatata ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
    tgttacagct ctttttagaat ttgtctagta ggctttctgg cttttttaccg gaaagccccct240
15  cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactgt gcaaaaaatta tgggtagttt300
    tgggtggtctt gatgcagttg taagcttggg gtatgaaggt ttggggccacg cctgggcgct360
    tccggctgcg ccggatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
    acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
20  cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaagggtggtc540
    ctcgcgaggg tgatccaggc gttctccgcc ccggagaatg cagtgcgcac ggacgaggct600
    cgggataacg cctgcaacga catgggtaag atgctgcaat tcgtgctgcc cgtggccacg660
    cagatccagc aggaggttat caaagcctat ggcttcagct gcgacgggga aggtgtcctt720
    aagtttgctc gcttgggtcaa gtcctacgaa gcccaggatc ctgagatcgc cagcctgtca780
25  ggcaagctga aggcgctggt tctgccgccc atgacctgc caccatggt gcctgctgct840
    ggtggcacgt ggccgcctcc tgagagttgg ccctcccttg tgccactgcc aggggaggaa900
    aggccttgat gttccagaca ataataaatg cgccgtgtgac ttaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaaa aaaaaaaa 997

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2076 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:49:

```

60  gtggagtcgg gggacgctcc tcctcgccag gggtcccgtc ccctttccct gctgggtaaa 60
    tcgcattctg tctctttaag gagtgtttgg ccgcgacgag ttggaaaagcc cggatgcgtc 120
65  cttcggttgg gcggggtgtc tcagtgcagt cactgggggt ataaaagggc ctgggtggcg 180
    ggcgcctggg cagagcgtcc tagcagtgtc actgcgtggg ttggtttgtg tagagaggcg 240
    tgagcgagcc cgttgtccgg agtgcacctg ctgcctgttc tgtccctccc gggagcccc 300

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60
ttaccacatg cgctcgttgtt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
ccctcatcaa ttgtggagtt cctttatatc ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
tgttacagct ctttttagaat ttgtctagta ggctttcttg cttttttaccg gaaagcccct240
cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactgt gcaaaaatta tgggtagttt300
tggtggtcct gatgcagttg taagcttggg gtatgaagggt ttgggccacg cctggggcgt360
tccggctgcg ccggtgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
acgtggctct ttattcgtga gtttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaaggtggtc540
ctcgcgaggg tgatccagge gttctccgcc ccggagaatg cagtgcgcat ggacgaggct600
cgggataacg cctgcaacga catgggtgtc cttaagtttg ctcgcttggt caagtcttac660
gaagcccagg atcctgagat cgccagcctg tcaggcaagc tgaaggcgct gtttctgccg720
cccatgacct tgccaccca tgggcctgct gctggtggca gcgtggccgc ctccctgagag780
ttggccctcc cttgtgccac tgccaggga ggaaaggcct tgatgttcca gacaataata840
aatgcgcctg tgactttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 881

```

25

30

35

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 997 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

tctctcagta ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggttgctgt gaagggttcaal500
 actaatgag tgcattgggaa acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtgggtcac1560
 acctgtaatc cgagcacttt gggaagccga ggtaggaggg taactgtagc ccaggagttc1620
 5 aagactagac tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 1670

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46:

ctcgagccgc tgcagccgaa ttgggtctga gctcgagccg attcggtctcc cccaggcgag 60
 ggcgcgcac ccacaccgag ctgcgcagtt ttgttctgct ccagctgttc gaagggtgac120
 cagacgcaag atggctgtcc tctctaagga atatggtttt gtgcttctaa ctgggtgctgc180
 45 cagctttata atgggtggccc acctagccat caatgtttcc aaggcccgcga agaagtacaa240
 agtggagtat cctatcatgt acagcacgga ccctgaaaat gggcacatct tcaactgcat300
 tcagcgagcc caccagaaca cgttggaagt gtatccctccc ttcttatttt ttctagctgt360
 tggaggtggt taccaccgag gtatagcttc tggcctgggc ttggcctgga ttgttgagcg420
 agttctttat gcttatggct attacacggg agaaccagc aagcgtagtc gaggagccct480
 50 ggggtccatc gccctcctgg gcttggtggg cacaactgtg tgctctgctt tccagcatct540
 tgggttggtt aaaagtggct tgggcagtgg acccaaatgc tgccattaaa gaattatagg600
 gggttaaaaa ctctcattca ttttaaatga cttaccttta ttccagtta catttttttt660
 ctaaatataa taaaaactta cctggcatca gcctcatacc taaaaaaaaa aaaaaaaaga720
 55 gaaaactggg g 731

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 881 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

tgtttttctg cgcaggagcc gcagggccgt atagccatgg cgcccagccg gaatggcatg 60
 gtcttgaagc cccacttcca caacaaccct aagatccgca gacgtaaggc ccggcaagcc120
 aaggcgcgcc gcacgcgccg cgcgccgcgt cggg 154

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1670 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:

aaactcttga aggaagctct aatgatagaa ttaggggagg gtaataaaat agacattttg 60
 aaatcatttg gaatttgaac tgttggatct acatctggag caccatcttg attctccctt 120
 tttattttcc cagacgaatt atcaataaac aactgatga gtcttttaggt gactgctctt 180
 tccttaatac atgtttccac atggatacct gcaagtatgt tcaactatgaa attgatgctt 240
 gcatggattc tgaggccctt ggcagcaaag accacacgcc aagccaggag cttgctctta 300
 cacagagtgt cggaggtgat tccagtgcag accgactctt cccacctcag tggatctggt 360
 gtgatatccg ctacctggac gtcagtatct tgggcaagtt tgcagttgtg atggctgacc 420
 caccctggga tattcacatg gaactgccct atgggaccct gacagatgat gagatgcgca 480
 ggctcaacat acccgtaacta caggatgatg gctttctctt cctctgggtc acaggcaggg 540
 ccatggagtt ggggagagaa tgtctaaacc tctgggggta tgaacgggta gatgaaatta 600
 tttgggtgaa gacaaatcaa ctgcaacgca tcattcggac aggcgtaca ggtcactggt 660
 tgaaccatgg gaaggaacac tgcttgggtg gcagcagtg ggccaattc aatagggtgga 720
 gcacaaagaa gaatcatttg atttcttact gagaaaaagt tcaaagggtg ggtttcataa 780
 ggtaatctgt tatctgtggt gagcaggttg gtgtcaaagg aaatcccaa ggcttcaacc 840
 agggctctga ttgtgatgtg atcgtagctg aggtatgtgc ttcccaggcc tccaaagctt 900
 ccacattttt gttgggtatca gttattcatg ttgggtgtat tctcatccca gatttttctc 960
 atttagatca taaacataat agaaagggtc agaattgcaa tcttgtgtaa cttaaaaagc1020
 agctagtttt tatttcctag gttcggtcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca1080
 tgattgaaag actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttgacga ccacacaatg1140
 tgcaacccaa ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctagaccag1200
 atgtggttgc acggttcaag caaagggtacc cagatggtat catctctaaa cctaagaatt1260
 tatagaagca cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct1320
 gaagagtgat atttgtacaa tagctttctt ctttatttaa ataaacattt gtattgtagt1380
 tgggattctg aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca1440

40

45

50

55

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:43:

```

5  ggccctatag tgagtcgtat ggggtgaagg tatgcttgga cggggggagt gagggccttc 60
   taccacagat gctttatatt cccaaacact acaaaaaaac ttttaaaact ttgccatttc 120
   atctggttac actctttgcc actgattagc agtatttaaa tcttgcaaga atattttgtg 180
   ctttctttag aaacacaaga gtatagattt ttctcactga aaagtgaagag ttacgcattg 240
   cagccatgaa gggatgctag gatcaattat ggcagtacct tttttccctt cctgttcttg 300
10 agccagttgt ctcttttgtt ttgggtccca cttaggatta atggatgtaa ggtatttttc 360
   tgtgccttta ttttgtgtca ttctattgga aggagggtga acggcagaat agcatcgtgt 420
   tgggggtttt ccttcaaaca ctgcaagtga tattgccacc atgtgaacct caaatatgca 480
   atccagttgt gttggtttct cggtgacttg gagtgttcat ctcttcatga attgtgagca 540
   ctgaccatgt tcttcagttc ttaattatgg tgagttgaca aataccaact actgcttttc 600
15 tttagggtggc tataaatatt ttactgtcag gaggaatga cattatatatc tgttccactg 660
   aacgtcagag atcagcaggc actgtactgg gtagagaagt gcctatactt ctctacctaa 720
   gagggcagga gggaaaccct acagctcctt gtgagcctat atattagtat atcggcctgg 780
   agaggacaag ggaataagac cactcatagt gaggctggcc aagctgcact ggtcggacca 840
20 ggcagtggct gacctaaagg agacaacttg ctttgcttaa aagtagattt ttaagcaat 900
   gcttaacaca ggcagcattc acctttgttc aggccatcga catgtattgt taaaattact 960
   gcataatccc ctcatatc aagtatacac tgttcatgtt acgcacgcac gtgtcccaaa1020
   tcttgtttta atttttttt tctgaatgtg atcatgtttt ggatgatacc tgagcagggt1080
   tgcccttttt ttatttatta ccattatata ttatattata ttatatattt tttgctttct1140
25 tataactttg gaggaagtc aaatcttggg attattaaaa ttgttttaaa aaggagtaaa1200
   ttttcagttg gataaatgaa aatcactggc ctatgtttta taagtttttc ttttaattact1260
   gtggaataac gtgccagcta tcatcaacac aatgattttg tacatagggt aggggaagcag1320
   tgatgctctc aatgggaaga tgtgcaacac aaattaaggg gaactccatg tattttacct1380
   acttcagcaa tgggaactgc acttggggct ttgtgaataa aatttagctg ccttgtagtag1440
30 tcgtttgaaa gaatatgtga tctgtgagag aattatagtt tttttttaga agaaaaatct1500
   gcaaaagatc tttccaaaga caatgtgcca cagatctttt gttctctgta atgaggattal560
   attgctgttt aaacaaaaat gtaattgttc atctttaaat tctttccttt tcataagagg1620
   atcaagctgt aaaaaaaca aaaaattaat aaaaatttcg agaaatcaaa aaaaaaaa 1678

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 154 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42:

```
acgtgatctg cacgggcgca gatgtaggca ccggtccgag tgcctgccct ctgtccccgc 60
ggctgggtct cgtctgctcc ggctcctggg ctccctaattc ttggtccagc ttcttccagg120
tctgcgcgtc tggtgttccc agcgctctgc gaagctgaaa aggaggagca acctgtccag180
aatccccgca ggacaggaaa aggaggggaa atctcgacat ggaaaaactc tacagtgaaa240
atgaaggaat ggcttcaaac caaggaaaga tggaaaatga agaacagcca caagacgaga300
gaaagccaga agtaacttgt actctggaag acaagaagtt agaaaacgag ggaaagacag360
aaaacaaggc caaaacagga gatgaggaaa tgtaaagga taaaggaaag ccagagagtg420
agggagaggg aaaagaagga aagtcagaga gggagggaga gtcagagatg gaggaggtcg480
agagagaggg aacccgaggt aggggaagcg ga                                     512
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:41:

```

25  cccggggccct ccccggtgcc aagtgaaaac ccccggaagg caagggaacc accggggggt 60
    cccttggtcc cttttggagg gtggtggggg atattttgtt ttggtttttc tgcaggttcc 120
    atgaaaacag cccttttcca agccattgt ttctgtcatg gtttccatct gtcctgagca 180
    agtcattcct ttgttattta gcatttcgaa catctcggcc attcaaagcc cccatgttct 240
30  ctgcactgtt tggccagcat aacctctagc atcgattcaa agcagagttt taacctgacg 300
    gcatggaatg tataaatgag ggtgggtcct tctgcagata ctctaatac tacattgctt 360
    tttctataaa actaccata agcctttaac ctttaaagaa aaatgaaaaa ggttagtggt 420
    tggggggccg gggaggactg accgcttcat aagccagtac gtctgagctg agtatgtttc 480
    aataaacctt ttgatatttc tcaaggccct agtctctgct gtctcccctc cccaccccat 540
35  ccttgcaaag cactggggaa agtaaggcca atctggccct ccctgtgtga cccgccttcg 600
    agttttcctt aacagttagt acatttcctt gtgttaccac gcatggggaa gaaaacgcat 660
    ggccccagaa tgccaccccc acctgacctc cccggaagca cccgcctctc gccagagca 720
    tgtgttgcct tctagagaat cccgttccag tcattgctg gacagaaaac gtaagagtcc 780
    tggggagggg tgggagggaa tgaagctagg acctgggggt ggggtggggg cgggtgcatg 840
40  cggaccgggt attctgaaaa gaaagaaatc ttcaaacacc tcggtcctgt ccggtgaaaa 900
    aacgacagca ttacacattc tcgtgccagg aaatggttac tcacccccgc tctctggagt 960
    cttttggagc tttctgatac cattcacacg atggagcaat tcacacgttc gttttctaag1020
    ttctttattg tccaagcata taaggtgagc acagacaaa tggctgccat ggaaagtcgt1080
    gcttccccag cataagaaca gagccatctt tgagccatgg gaagcctcat ttaatgagac1140
45  ctttttcccc ctttttaaat ctgatattgt atcgcaacta gggttttgtt ttattttggc1200
    ttttaaggtt gagagtgggc tgaacgcctt cataatgggg gcggaggcgg gagtgagagg1260
    agaagggaga gagctgttct ttttctaatt actacacctg aaaagtatca agagacatct1320
    ttgccaagag actgtagcag ccagctgccc cccgtggagc aagggtttaa gacaaaatta1380
50  aatggcacct ctgtttaaga tctgctgtg taaacaagac tcgtttgggg aaaacgacct1440
    gggaggagag catctgtgat caaatctct cattgtaagc acaaattgtt ccgtgtctgg1500
    ttattaaaaat cgctttgggt ctataacagc cactcttgtc ccccttttta atagaaaatt1560
    gtcattctag cctggatttc tccccactgg aggtggaggg tgggaagaga agggagtcag1620
    ctctgacagc ttacaaactg ggaagttctg tgcatctcca gggattccag agttgaagat1680
55  ctggttggtg gaagctgggc gccagtgct tttttttttg tgggtttttt ggcccaaagg1740
    cggtgagggc ccgctgaaaa aggggaacgc ggggggtggg cggggttggc 1790

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 512 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1491 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:40:

30

```

agggtgagtga ggcggaaact gaggcacgga gtggggaagg agcgttggtt tcttaaagaa 60
acagcacctc cccgcctgt gcgtttcggt ttgaagccgc tctaataccc cttcctgtgt 120
gctctccttt ccagacacgg cttacctgga tgggggtgctg ttgcccgact tcgagctgct 180
cagtgaacct gaggatgaac acttgtgtgc caacctgatg cagctgctgc aggagagcct 240
ggcccaggcg cggctgggct ctcgacgccc tgcgcgcctg ctgatgccta gccagttggt 300
aagccagggt ggcaaagaac tactgcgcct ggcctacagc gagccgtgcg gcctgcgggg 360
ggcgctgctg gacgtctgcg tggagcaggg caagagctgc cacagcgtgg gccagctggc 420
actcgacccc agcctggtgc ccaccttcca gctgacctc gtgctgcgcc tggactcacg 480
actctggccc aagatccagg ggctgtttag ctccgccaac tctcccttcc tccctggctt 540
cagccagtc ctagcgtga gcaactggtt ccgagtcac aagaagaagc tgtacagctc 600
ggaacagctg ctcatgagg agtggtgaac ttcaacctga gggggccgac agtgccctcc 660
aagacagaga cgactgaact tttggggtgg agactagagg caggagctga gggactgatt 720
cctgtgggtg gaaaactgag gcagccacct aaggtggagg tgggggaata gtgtttccca 780
ggaagctcat tgagtttgtt gcgggtggct gtgcattggg gacacatacc cctcagtact 840
gtagcatgaa acaaaggctt aggggccaac aaggcttcca gctggatgtg tgtgtagcat 900
gtaccttatt atttttgtta ctgacagtta acagtgggtg gacatccaga gacagctgg 960
gctgctcccc cccagcctg gccaggggtg aaggaaagagg cacgtgctcc tcagagcagc1020
cggagggagg ggggaggtcg gaggtcgtgg aggtggtttg tgtatcttac tggctgaag1080
ggaccaagtg tgtttgttgt ttgttttgtta tcttggtttt ctgatcggag catcactact1140
gacctgttgt aggcagctat cttacagacg catgaatgta agagtaggaa ggggtgggtg1200
tcagggatca cttgggatct ttgacacttg aaaaattaca cctggcagct gcgtttaagc1260
cttcccccat cgtgtactgc agagttgagc tggcagggga ggggctgaga ggggtggggc1320
tggaaccctt cccgggagg agtgccatct gggcttcca tctagaactg ttacatgaa1380
gataagatac tcactgttca tgaatacact tgatgttcaa gtattaagac ctatgcaata1440
ttttttactt ttctaataaa catgtttgtt aaaacaaaa aaaaaaaaa a 1491

```

40

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1790 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:38:

```

tttcccttct ttcccagggg tttgcctgta agcattcaaa ttgttttgaa tttcattttg 60
ccttctctaa gttagaggta tttaatgact gaagactggc aggagagaaa gtatcaacaa120
actgagtaaa ctattcttga ggggcactga aaaggatggt ctttgaaact tgatttatat180
atctttactt gcaaaaggat atactgtgtt ttgagtatga aagtgtgatg ggtctgttgt240
ggggaccatg actgatgcca taattgcac 269

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 386 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:39:

```

caggggggaga cctgggtgttc catgtaagtc cctgatgtct tagagagact gtcattgagca 60
catgctcaga catcttgggc agggcatgtt aggcagaggc agagacagat gtaacctaat120
gaagggttaag cttgagggta cttctcttgc ctgacatttt ccaaagctct gttatcactc180
ctggggacac tgggaggaac ccgctgcttc cagctatgct gcttgtggcc taggagtcct240
tcgtggcatc ctgaggtgtt ggggtgatcc ggagagctgc ctgcactact tctaaatata300
tctagtcccc agggtaacc ttattaaacc ttagaaagtt ttcctttttt tttttttttt360
tttttttttg aaacagagtc tcactt 386

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

```

taaatttcca aatgttcaact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgctcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttaa aatgagctct cctttcaacc 300
cttgtaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatctt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg tttcctgatg 480
ttgtaaataa catcaatgca tctgctgtgg gtcccttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540
ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggtcact caatcccttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtgggatg atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atattattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaagggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctccctctgac 1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg 1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg 1140
aaaagtatta acatgggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggccactaa 1200
gccactgtta ttttcttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact 1260
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg 1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat 1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggg gaaggtccct tttccttggg tgtgtagtta 1440
tatgatcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaatc ggtgcagttt tttatggttt 1500
ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa 1560
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat 1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagt 1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt 1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt 1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca 1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg 1920
ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt 1980
tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcataatgag caaataataa 2040
actatttaca ctactaaaaa gaaaagagaa gaa 2073

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

atgctctgga ggatgagggg tgggcagcag cggcccccag ccccggtca gcccgagca 60
 tgggcagcca caccacacgg gacagcagct ccctctccag ctgcactcag gcatcctgga 120
 ggagcgcagc ctgccttccg ggggccggac agggcccggg ctgctgtctc aagacagcca 180
 5 gacaaggagt tctccttcat aatccgtgtg tgaggcggac agtgggtggc caccgggagc 240
 tcttggtctg atcttctccc tgccccacc ccactatgac ctttgaccct acggcgcagg 300
 ggcagccagg acccttgatt cagaccatgg accctggacc ttgtagatga gggacactgg 360
 cctggccctc gggctctcgg aggacgtagg gggctggcat gggtgccgac tggctgcctg 420
 acttcatcat gctccctgca cttaggctgc gtgggacaag ggctgtgttg tcacagcagg 480
 10 aataggtttt cctctgttgg cctccctttc ctccaccctg gcctcaaagt gatgccagat 540
 gccaaaccca gttctggcca cgtacagcca gcgggtcagc ccagaggcag cctcagctcc 600
 agggctaagg actctcggct cccattttct ctgctggcgt ttctgctgtg cccagcagtg 660
 gctgctgggg aagcagctgc agcaggaggg agacggctt gcctctcagc ccctccctgc 720
 15 cccaccccag ctccctgccct ggaaatctgg agccccttgg agctgagctg gacggggggc 780
 cagctgcgag catgtgcact aaacgcagcc ctttccaggg gaagagaaca ggatggagaa 840
 tggaaggaaa gccccccagg cttcgtgaat tgcaagaagg gacccttcca ggatgacact 900
 aggaacaggg ctagggcact cgctcagtc ctaggggctt gtttgttctt tattattgtg 960
 tttaaatcct tatagagcaa tatcaggatg gtgttaatat gtctgcctca gaatgagaat1020
 20 caatcctttt agaaaacctt tataactaagc ctccctctca aaattcacag tggcgattag1080
 cggactggag tctggtggcg attagcggac tggagtctgg ggacatccgt ggcaaagacal140
 ccagctcaac tttagtgtt cccaacttta tttagaatga catgggggtg gtgtctggtg1200
 tgtgtgtttt ccctacgcac ctcccatagc tattaacaac tgaggaaggc cagtgcagaal260
 tatttttggg gaacgatttt ttttttaaat aatatatcat tcctatgggg ggaaagcctt1320
 25 ttttttctt ttggctgagt tattccctcc ctccctcaa taccctcagt actgactact1380
 tccctttctt ttctcaggcc tccccccacc gacttttgag gccagggttg gccagattta1440
 gcaaaaccaa aacagagtgc tgagttaaac gcaaatttca ggtaaacaaa agataatttt1500
 ctagcattaa tatgcccac gcaatatttg gaacacttat gtgaaaaatg atttgttttt1560
 30 ctgaaattca cgtttctctc tgagtccctg aactgtcccc gaggggattg agcagaagct1620
 cgggtatgag ccctgagggt gactgccggt tatttttctg tcctgggaac agcctgacct1680
 acctccctgt ctccatgtag ccagtgaggg gagggggaga cacagaacca accacagcca1740
 ggggcgtccc catggcgact gtggcccggc ccctcctctc ttgcctgact ctccctctctt1800
 gctgactct agacactaac ttagttccag gttcgtgccc ctgttggtgc tcctgtttcc1860
 35 aatagcttag gtcccatggt gggggaggaa cctcaggggc tatgcagccc ccgccagctg1920
 ccctcgaatc ccgtccaggc caattccaga ttctaaactg atttttttca tgatattgtc1980
 aaaacagtga ggaaacatta aaaaaaaaag ccctaaagca aaaaaaaaaa aggaagagga2040
 aaaggaaaag aaagaagc 2058

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcattg acatcgcagc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctgg 900
agggaaaggg gcagaggagg gtcattgtccc ttccagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg1020
ggacctgcga aggaaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacggtgt1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg1140
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctccctccagt agctctgaaa gctgtggaca1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg1260
ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtt tgtgaaagca ggaggggcag ccctcctgga1320
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaaggg1440
ggtgagtgtg atcaaatcta gtctcactcc cacttttttag tctcactcct acttttgtcc1500
accacccctg cctcctggat cttctccccc tttttttttc agcttttagga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagg1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccagggtcca ggccctggaa tcctgagact1680
cgcgcttctc tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgta1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaaactg ggagtcgggg ttggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaata tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgatagccca ggtgagaagt gggtcaccca1920
gaggggcagg gtggggggcct cgggcagatc tgtccctctt ggcccctctg tcctcaaata1980
tccaaaatgt tggaggacct ctgttcatat cccacgcctg ggctcttgcc agcagtggag2040
ttactgtaga gggatgtccc aagcttggtt tccaatcagt gtttaagctgt ttgaaactct2100
cctgtgtctg tgttttgttt gtgcgtgtgt gtgagagcac atcagtgtgt gcaggctgtg2160
tttccccatt tctctcctcc cttcagaccc atcattgaga acaaatgtaa gaaatccctt2220
cccaccaccc tcctgcctc ccaggccctc tgcgggggaa acaagatcac ccagcatcct2280
tccccacccc agctgtgtat ttatatagat ggaaatatac tttatatatt gtatcatcgt2340
gcctatagcc gctgccaccg tgtataaatc ctgggtgtatg ctcccttatcc tggacatgaa2400
tgtattgtac actgacgcgt cccactcct gtacagctgc tttgtttctt tgcaatgcat2460
tgtatggctt tataaatgat aaagttaaag aaaactcaga aaaaaaaaaa 2510

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2058 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:36:

ggaagatatt gagatattta aatcatggcc caccttacc aaataggag attctgttca 240
 tctcatatct agtattaatt agaaaaataa ctacataaaa agaaggaagc taagaaggca 300
 ctcactcagc cataaattct ctaaaccctc tctaccttgg aatccgtgaa tggaatctgg 360
 5 tatgtttttt gcaggatttt cctattgtaa attgtggcaa atacagggct cccttcattt 420
 gcttttcatc tcttatgcat caaagtcaaa aacatttctg tatcaagata atctagaaga 480
 gaaaaaagga ggaaaaggaa aagagaaagc agaagggaca aataaaagca attggcaaaa 540
 actgtcaata atagtttata cacttaacta tatcaataat cacattatat gtaaatagtc 600
 10 taaacaatcc aattattttt tacttctact tatgttata ttttacttct acatttggtta 660
 aaggttccac gctacatttt tactattctt gctttaaata attttaataa tttcttttaa 720
 agtttagata ataagaaaat atcccgggccc aggcacagtg gccacacctg taatctcagt 780
 agccatgacc ataccaatgc actccagcct gtgaaacaga gtgagactct gtctctacag 840
 aaaaaataaaa aagaaaagaa agaaaagatc tcatatattt acccatgtaa ttttcatttc 900
 15 ctgttttctt cattcttctt tccatctggt gtcacttctt ttctgcctga cgacttctt 960
 taacgttttt tatagttcag gtctgcagga ttctttaagt tttgtatgct tgtttttatt 1020
 cttgaaagat attttcactg tatattgaat cccaagttgc caggtttctt ttaattattt 1080
 gaaggtagc 1089

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2510 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:35:

55

cagagtga aa ccttgtgcct ggtgaccaa gtccctccaa agtgccttc cttctggggt 60
 attcaagcca aatatctggg tttccccctc tctcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
 tccaagatag gagatatttc ccatccccct cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
 agcccaggag cctattcctg gcatggatgt totgtccaca cttgaggetg ggcgggtgtat 240
 60 cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctgggggtcag ctttcacgggt 300
 cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agcccctcca 360
 ctccagcctg agccatgtgt gccctgcggg gaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
 ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
 atgatgggga agggttcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggcc tgcaccagag 540
 65 cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
 gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
 attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaatctattt tactgttgtt 720

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:33:

```

aatcaatcga attagacaga tgtttaagtt ttctaattct gtggactatt acccagcacc 60
tcagcctggt tgttgagtta gcacccctctg agacactctc tctgtgtcct aaagccctgt120
gagtgtgcac tcagtccggg ctcccttgcta ctgctcctca ccctgggtgct cctgacttct180
aaaagtcttg agggagaagac tgagagtaaa tttgggtag tagaaaataa atgcagggttc240
ttgagtagaa atcattgtga gggagcagtg tattgttagaa tgttatgaca atcaatttat300
caataaataa gtaatagggt gttggcactg tgcaaatgta actcctcaga gtagcaggga360
aaagagaaaa cagtaacaga tctgcagacc cctgtagggt atagttgcaa cccagagaca420
gaggtcccct tgatatggct cctaggagac aaaatttatt taaaatggga aatggggaat480
ctgttgagag ggtaggggtg ggtatatatt gcactttggg aaggcaccoc tgtatgccac540
cttttttttt ttttcttcca gtgaaaacac agggcctcct tgtgaacgca gagtt 595

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1089 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:34:

```

cggacgggtgg gacggacgcg tggggttcta gatcgcgagc ggcacccctt tttcccgccc 60
ccagattgat aagtaatgaa agtgactgac agtgagggtc aaaggagagt caacatatgt 120
gattgttcca taataaactt ctggtgtgat actttcatct tgtaaatctg ctttcttttt 180

```


atggcctttc aacccaacaa gggcccttcc ctgctcttcc accagtaaag gctcctggcc1620
 tctcatcagg atctgcccc cagagacccc cccagacact gcagggcctg gtgatgctgt1680
 cctctgtacc ggaaatggca ggcactgtca gatttccact cttctgcctt taggaaggct1740
 5 ggggtgcttct tgctctgaca gccagtctgg ggagatgact cttacgttgc ttgagtcttg1800
 gtggcaggct gctgtccacg ggggagaagt ctctgctctg gactggacag aagagagact1860
 tttacctggt ggcactcaca cggccaagct tctgccacca cttcattagc tgtattctcc1920
 atagtatggt gaaatagcag gtgcgtcttc tagtttattc ctctgggga catttcctca1980
 aagcagtttt gcgccccgc aagggaatgg tcagcctaag ggtaatgtac agcccgctgct2040
 10 tggagaacca tggaagctac acccctacag gtgcatactg ttctgctttt ccaataaata2100
 cgagcggcga tttcaaccac aaaaaaaaaa aaaaaaagcg gccgaagtta ttcctttgta2160
 ggtatttta 2169

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 232 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:32:

tttttttttt tttttaagct ttctagatga ttccattgca gtcaagtttg agaatgcact 60
 50 ggggttagaa gctgctaaga tgcaggagga ggagtatcta tcagtagaaa gggcaattag120
 actatgctga tacaattgat ttattttgtc atagaatagc agtatgacaa aactatattt180
 gtattgccct tttctttttc tggtatattt gtggcatctt ttttactcgt gc 232

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

ggatatacctc aattgcgatg gctgaaggca tttatttaac gatcttttta cctggatatg 60
tctgtgaggc tcctgaaagg agacaaataa agtcaatata ttgtcacagt acaaaa 116

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 2169 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

caaactgttc gcaagggcag cagctggcga ctttctccag tgactgggaa atccaggaag 60
acagtaggct catgtgctcc tcggtgcaga aggccttggt tgaggaggag gaccacgtca 120
agaaactgca gcagaaagtg gccaccctgg agaagcgcaa ccggcagctc cgggagcgag 180
tgaagaaggt caagaggtcc ttgcggcagg cgcgtaagaa gggccgccac ctggagctgg 240
cgaaccagaa actcagttag aagctggcgg cgggcgcgct gccgcacatc aacgcccggg 300
ggcccgtgcg cccccctac ctgcgggggt aacgggcctg ggggctgccg ggtgtgcagg 360
gccaatcctg gcggtaattg agaatgagt aggtttcgta catgcagcta tttcaagggt 420
tgtaagagtt tttgttttta atcacgcatt tggtagagtc taaatggata aaatgcaagg 480
cttgctttcc ccttggtgct tggcctcaat gtcagacccc acgcgctgcc ccttcctggc 540
ctgaccccag acgcagtgcc tggcagtcca gaggcagtgg gatccctgag tgctgaatgc 600
tcgcctgcag agcagcccag aaagagccct gactggggag agaacatttt agaattctta 660
gtgtaaaaga catcaacgtg cttagccttt atttcagaaa aaaatcaggg tggttcccag 720
ctccccagtc caggacaacc attagtcttg atgagtgagc tgacgctggg gctggaacct 780
gctggcacct cactggccac atctttggaa ggggatgggt gccttgcatc caagatgcct 840
gaaaatcagc acgtgcaggg cctccctatc cagccagcat tttccttcca gctgaggcag 900
gtgaagactt cataagctca tcacagggga ggggaattagg agcagggcag caggtaatta 960
aacaagataa attatacctg atttccaaca ccagctacaa agagttgaag atgataccta 1020
tgggtcgctg taacacaggg ggcaactgcc ttgatcgccc tgccatgggt catcagactg 1080
cttcctaaat tgagagaaac tgagcaatct ctcagccact gctatagtct aacttcttgt 1140
ttgctgagta attgtttcta atgtctctga actcaaagt aggtgctcca agacgctgtg 1200
aacttctgca aagacacctc cttacctact gggatcacgt gacctgacct cactcccagc 1260
caggtcccca aagggtcat tccagccatt ccaatctctt cttctttatg caaacacttt 1320
tccccacaaa caagccttgt ttgttccgat aggaatacgt gtacgtcagt gcacttgtcc 1380
ttacgtcagt tccttacacc accaaagcac ttcacctttc tggaaataaa acttttaaga 1440
cactactata agtaaaaatg agagtattca ctgacttat tgctcaggca catttgagtg 1500
ggtccagct gtgtgattaa gaagtcaact ggggtggcctt ttctgggtta tcttctgac 1560

40

45

50

55

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29:

```

25  gggacccgca aggacccggg accgccgctc ctccgcgcgt cggactcccg ccccgtgcg 60
    aaccgggtcgg tgcgcccctc gccgcgctcg ccttgccccg ggagcgccgg gagcggggcc120
    gctttcctcg tccttgtaaa tgtttatatt ttaactcttc ccagtgcgaa ctctgctgtg180
    agtgtgtgcg gggaggcgcg cccgcgctga gtcggcgggc ggtagccact ccatgccctt240
    gtccgatggt ttgcaactcc gattttgcac accgctccac cgtgcccccc agcgcacacc300
30  cattcacact cacgccaaca ctctcgctga acacttttat aattgttagg cgtggccggt360
    gggacttttg gcgcagcgcg gctgctactg cgtctggagg attgatattt atttttgcat420
    tgcgatggct gaaggcattt atttaacgat ctttttacct ggatatgtct gtgaggctcc480
    tgaaaggaga caaataaagt caatatattt gcacagtgca aaaaaaaaaa agaaagaaaa540
35  gagaagggtc gagaaa                                     556

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:30:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 977 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:28:

```

gagaattccc gccatccacg tcttcaaaac caaaccaacc ggtcccggcg tgctttgcga 60
tcttgccgta caaaagcatg gggcgctca gggccccgcc ctgatcccaa gatgcaccgg120
ggagtaggtc oggcctttcg ggtggtcagg aagatggcgg cctctggggc ggagcgcagg180
tcttggtaca atacttggtg ttacgaaagg atctatcaca agctccgttc tcttgccggg240
cgggcgcact ggtagcgcag gcttgtcacg cggccaccgc ggccctgcac actcaccgcg300
accaccgcga cacagccgct tacctccaag agctggggcg catgcgcaaa gtggtcctcg360
aggccccaga tgagaccacc ctaaaggagc tggccgagac cctgcaacag aagaacattg420
accacatgct gtggccttgag caaccagaga atatcgccac ttgtattgct ctccggccct480
accccaagga agaagtgggc cagtatttga agaagttccg attgttcaag taactgctgc540
tttgatgtgt ttgaatacgc aggccaccca ttccaaagca tcatgtgttc cttgcagtgt600
cagcttgctc cgtcttttca gttgtgacaa tttcttgagg gttaagcaca tgttcatatt660
aaagttgtca ttaataacta cttcctctta ttaataagtt caagtgggga aggtgggaga720
gcagtattgt ctgggggatca ttgctcaaat agaagatttg gttagactct cctgtggggc780
tcaaggaaac tcccttccag tcaactcggg ttgaaaacttt gcttttgaat tccttcttac840
tcacatccag ttatcatatt tcattgaatc taagataaca tcaactttaa gatgcggtag900
tatttcatgt attgttaaaa aatatgccgg caaattaaac acttgtattc caataacaaa960
gatgttaaaa tatcaaa
977

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

ccaagaccta ccaggtcatg cgagagtgtg agcaagctgg ctcggccgcc ccgtcgggtgt540
 tcagccgcac ccgcacaggt accgagactg tctttgagaa gcccaaagcc ggacccacca600
 agagtgtctt cggctgagaa gtgtgcgcca ctccccttgc tgcccgaatg ctcggaaaca660
 5 ggagccttac ccaggaactc ttttttatgc cagaacgctt cctctcccct gctgtctctg720
 gggctgccac cctccccac agtccaggcc cttcagccaa gggctctgca ccagcacctt780
 ggaagcacca ataaagagga tgcccacgtg gcccacagcaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg840
 agc 843

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27:

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag 120
 ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac 180
 tcttttccca ctgtttaagg agttagtga ttactgccat tcaactcata atccagtagg 240
 50 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgctgaata tttgttatgt 360
 agataacaag acctcagtgc cttcctgttt ttcacatddd ctttttcaa tagggctctaa 420
 ctacagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcaactctgg 540
 55 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt ggggtatggt gacactagcc caatgaaatg 600
 aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgagggtc gcatgtctat tcagcttcgt ttattttcaa 720
 gaataatcac gctttcctga atccaaacta atccatcacc ggggtgggtt agtggctcaa 780
 60 cattgtgttc ccatttcagc tgatcagtgg gcctccaagg aggggctgta aaatggaggc 840
 cattgtgtga gcctatcaga gttgctgcaa acctgacccc tgctcagtaa agcacttgca 900
 accgtctgtt atgctgtgac acatggcccc tccccctgcc aggagctttg gacctaatacc 960
 aagcatccct ttgccagaa agaagatggg ggaggaggca gtaataaaaa gattgaagta1020
 ttttgctgga ataagttcaa attcctctga actcaaactg aggaatttca cctgtaaacc1080
 65 tgagtcgtac agaaagctgc ctggtatata caaaagcttt ttattcctcc tgctcatatt1140
 gtgattctgc ctttggggga ctttttctta aacctccag ttatggattt ttttttttca1200
 taacacttaa ttgggaa 1217

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcotta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgtagga gaagaagaga120
ggcaggggaag acaagccagg cacgatggcc accttccac cagcaaccag cgccccccag180
cagccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
gccccattcct acctcgaggg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtagacca gctgcagaat360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat480
ccaggccggc ttgccacacc cccacccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacctta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
gctcctocag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagccacaa aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 745

10

15

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 843 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26:

55

gtcacacatt ccaggaccca aatccgtaaa cacaagcat gtccgtcagt gccagcacct 60
ccccccggct agtcaagcag ctgtcccaga gggcaaaggg tctctgcagc catctgcttt120
catcagggtc gcagcccccga ggcagcagta ctgggagccc ctctcatctc cgagaataaa180
ctctgaagcc agcgaccctg cggacctgaa tcatcaggga gcctgtcaga ggaggggcag240
tgactctgog ggacaagcaa gcaggctata taagtttcag aaggctgggc tccactcaga300
tcttttccag cagctgctgc ctgccagaga ggcgccttca gagaccagc gcttacacaa360
taccacccat gtcccaggct ggtgctcagg aagcccctat caagaagaag cgccccctg420
tgaaggagga ggacctgaag ggggcccag gaaacctgac caagaaccag gaaatcaagt480

60

65

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

```

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtggcgggg360
gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcacct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 656
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 745 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:122

```

tccaccatta attggggggt tttttccctt cttttctttt cacagcactt tggatatcca 60
ggcagcggct tccttttggc gatattaaat aaaaaaacga aacaaacagt gggaaaaaag120
taaataaagc ccaactacct aaccctttct tatttgtatt tgtttttagta ttgtgaagtt180
gtgttaaata gtactagcta gaaatacaaa tttctgggta tcatttctct tccctgtggc240
acttgacatt ttaattgtct taaagttttt gaagtacatc ttctggcccc ttgagtactg300
ccagaggcaa aagatgtttg tttcttattc attccacttt tgtctcctgg gatcccttct360
gtagcctaaa gtatggctgg gaaatggact tgagaagatt ggcttgaatt agatcataat420
catgtgtgat cccatcatga attcattgga atttgtgttg catgtaaggc aatctttcct480
gttgtaaata ttcctttttt aatgtacata ttttttgaaa aatatgaata aacatgaaat540
tttaaaagct gctgaaaaaa aaagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaaaggag600
at
602

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

```

aaagatgggc tatattatat ctgtaaccta actgaagtgg tcaggtagac aataagacac 60
tgatgcaaga agcagagagg taaaatcagg atcaaagccc tgagtagacc acagagatgg120
atttaataca caaattgatg tgtgagtcct tagataaaag tagggacagt tcatttgtta180
aaataaaatg tacggtagaa tacgaagtta caaatcacgt tgcctttccc tcaacaaata240
catacatata ctaacttaac tggctttcca ccacgcata tttaatgcca aaattgttac300
aatggtccgt aagatccttt acatcccggg cagtgcatac gttctctgac ttgtata 357

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 656 Basenpaare

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:21:

```

5  gcgttccctcg agccggcccc aggtcaccgc cagcacgcgc ctgcttcccg tctgcgcgag 60
   tccacgcagc tccccaggcc cttcaccagc acagcagcag caggcatggc agcaagcgtg 120
   gagcagcgcg agggcaccat ccaggtgcag ggccaggccc tcttcttccg agaggccctg 180
   cccggcagtg ggcaggctcg cttctctgta ctgctgctgc atggtattcg cttctcctcc 240
10 gagacctggc agaacctggg tacactgcac aggtctggcc aggtctggcta ccgggctgtg 300
   gccattgacc tgccaggctc ggggcactcc aaggaagcag cagcccctgc ccctattggg 360
   gagctggccc ctggcagctt cctggcggtt gtggtggatg ccttgagctt gggccccccg 420
   gttgtgatca gtccatcact gagtggcatg tactccctgc cttcctcac ggccccctggc 480
   tcccagctcc cgggctttgt gccagtggcc cccatctgca ctgacaaaat caatgctgcc 540
15 aactatgcca gtgtgaagac tccagctctg attgtatatg gagaccagga ccccatgggt 600
   cagaccagct ttgagcacct gaagcagctg cccaaccacc ggggtgctgat catgaagggg 660
   gcggggcacc cctgttacct ggacaaacca gaggagtggc atacagggct gctggacttc 720
   ctgcaggggc tccagtgaag ccagcactg ctgcaggggg tgggtgcctt gcctgctctg 780
   agctctctct tgcaagctct ctcttctctc ccaggctctg gctcatgcac atgcaacagg 840
20 tgcgtctgtc tatatgtctg ggttcttctc ttttgtggtc tgtttgtctt ttctacctct 900
   ttctcttgca gtgatagact gagggggtaa aatcaagaga aaaaactctc aggaatcaag 960
   gaacataatc ctgtggaggg taatccatta catgagcttc tctgttctt ccactttcct1020
   gcctggcttt cactccttcc cctgctctgc ccagcctttc cctcccacc actcctcctt1080
25 ctgcaaatgc cctgaaggcc agcccttacc ccaacaccca cttccccacc tccttaggcc1140
   ccagatacat acatgcccac atgcacgctt acatgtttag agccatcctt gtttccaaat1200
   atgacccttc gcttgagggc aactgcatag gtacatctaa ctctggactg gcatgcacat1260
   tgtcatgtgc agctttgcat atacacacat gcatacatga gcctccacac aagcacttgc1320
   acacatgtgg actcctaacc atgctaacct cactggctgg gaaggtgggg accccatggg1380
30 ccagcccttg caggaggccc ttttgcaagg cttagggtgt ggccagccct gaaagctact1440
   tggacacagg tttcagctgg cccagccca gaagtgacct ccagaaagg agggccaccg1500
   ctttgcccc tgcttttacc cttccttctg ggtgctctac acctcaggtt accaggcctg1560
   aggcattctc gccaaagctt tttcctgctc tgaggcttgt ggggtgggag ccagagtgg1620
35 ggtcggtgaa ataaagtgat gcaattagaa aaaagaaaaa aaaaaacaga cgcggc 1676

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 602 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

```

aagaaagggc tagtaagttg gtgaaatacc tgttggttaa ggaccagaca aagatcccca 60
tcaaacgctc agacatgctg agggatgtca tccaagaata tgatgaatat ttcccagaaa 120
tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 180
ataagcaaag tagcttgtat attctcatca gcactcagga atcctctgca ggcatactgg 240
gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tcctcatggg gattctgagt gtcattttta 300
tgaatggcaa caaggccagt gaggtgtgca tctgggaggt gctgcgcaag ttggggctgc 360
gcctggggta tgatttgggc tctctcagcg cttgctgtcc gtgttgtcct ttggcaagag 420
aggacgggtc taggattgca tcagtctggg ggtctggtgg agcgggtggg gtgctggact 480
gggtagaggg cccagggttc tgacctgggt ggatgatggg tgaatgggtc tgaactctct 540
gctccctctc tcagtgtctc ttgggcttct atggagcttc cctcttgtgc tggaaacctc 600
ttttccatct tggaaatgcc tctgccaca tctgggaagt gccatagcct tgagtgcact 660
tctctcagga tacatcattc actctttggg gacgtgaaga agctcatcac tgatgagttt 720
gtgaagcaga agtacctgga ctatgccaga gtccccaata gcaatcccc tgaatatgag 780
ttcttctggg gctgcgctc ttactatgag accagcaaga tgaaagtcct caagtttgcc 840
tgcaaggtag aaaagaagga tccaaggaa tgggcagctc agtaccgaga ggcgatggaa 900
gcggatttga aggctgcagc tgaggctgca gctgaagcca aggctagggc cgagattaga 960
gctcgaatgg gcattgggct cggctcggag aatgctgccg ggccctgcaa ctgggacgaa1020
gctgatatcg gacctgggc caaagcccgg atccaggcgg gagcagaagc taaagccaaa1080
gccaagaga gtggcagtg cagcactggg gccagtacca gtaccaataa cagtgccagt1140
gccagtgcc gacacagtg tggcttcagt gctggtgcca gcctgaccgc cactctcacal200
tttgggctct tcgtggcct tgggtggagc ggtgccagca ccagtggcag ctctggtgcc1260
tgtggtttct cctacaagt agattttaga tattgttaat cctgccagtc tttctcttca1320
agccaggggt catctcaga aacctactca acacagcact ctaggcagcc actatcaatc1380
aattgaagtt gacactctgc attaaatcta tttgccattt ctgaaaaaaa aaaaaaaaaa1440
aaaaaaaaaa aagaaaaaaa ag 1462

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1676 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

```

25  ggcgagtcgg gcgccaagcg cggggccgga gcggccttcc cggagtcctt tgcgcggcac 60
    ctggcgacaa aatggctgcc cgaggagac gggcggagct cagggccggg aggctccggg120
    ccccgcgggc ggtggcggtg gcgggagccg ttgggctgag tcgggatcgg ggacgtcgcc180
    cgagagcggg gacgaggagg tgcggggcgc gggttcgagc ccggtgtcgg gcggcgtgaa240
30  cttgttcgcc aacgacggca gcttcctgga gctgttcaag cggaagatgg aggaggagca300
    gcggcaacgg caggaggagc cgcccccggg tccgcagcga cccgaccagt cggccgccgc360
    cgctggcccc ggggatccga agaggaaggg cggtcggggc tccacactta gcttcgtggg420
    caaacgcaga ggcgggaaca aactagccct caagacggga atagtagcca agaagcagaa480
    gacggaggat gaggtattaa caagtaaagg tgacgcgtgg gccaagtaca tggcagaagt540
35  gaaaaagtac aaagctcacc agtgcggtga cgatgataaa actcggcccc tggtgaaatg600
    acgccccctc cccacctgcc catggccttg gactctctgc gatgtacata actatttaat660
    gcagcggcag gggcgacagc ttccctgaga ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc720
    ttcccgacgc cgtggacgat tctccaggac tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg780
40  agaccttcaa tagaaccaag tggggtttac tgtgcccccc cgtttttgac cttccttaat840
    tgttttgttg ggtttttgct tgcctttgc 869
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1462 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18:

```

caggggtgag tgaaaacagg gtgagtctgg acattctgca gtcagccact gttcttggct 60
tccaacaaaa agcaaaacta aggcaaggca gagcacagag ggtgctcagg cagaagctgc 120
ttccccctcct ggtgcagcca ttagctgctg tagtatctgt gacctgtcag aacctgcttc 180
cttcatttttg ggaatatttg accaacctca gagcaattgc tgttacgagc caaggaggtc 240
aaagagcaat gtccagtctt cccattctgt ccaagtcaga tttatcgacc atgtttcgga 300
aaaagggtgag cctcagggat agtttgtcaa tggctgagct aatcacaaag gtgcctgggc 360
aggaatactg gcaccagcca aatttgcatt acttgttctg agcaattgag ctttgtttga 420
agaatgggag gggataaaga agataactga tcatcttctc aggtgactga cctgggtgatt 480
aggagcagoc ttcttggatg cagttaggca aagtctgaat gtcttccctt ctccccccac 540
cgctctctcc tgccacccca ggagcaacat ataaaaatgt gtagctccag gcatgaaagt 600
agcttctgtc tacacaatgc aggtcaaaga gaaggaactg accagggtgc caggcaccaa 660
aatacagggc tgggtctagcc ccaactctcc ttctcacatg cccacgttca cgcaactaac 720
tcacagggtt ttgggggaaga ctaagacgga gtgaatgtaa aaccactcc cttctgcccc 780
cgttcacatg gtccatgctg agggaattca gaaaaggaga cagaccgggg ggggtgcgtc 840
agtcaaggca agtttctcga aggaaggag cagaactcag gaggacatgg actggaacag 900
tcagggcaat ttcaggctgt gacaaagctg gaacggacga ctgtagcagg agcaggagtc 960
actgacattc taggccaggc cagggctaag ccagagaacc tattaatagt aatccacaaa 1020
tagatatggg gcacctccta ggaactctcc ttgttccaag cgtcgtacct cgtgtgatcc 1080
ttagcggctc tctgaagcag acagaagagg gccagccatc tttcttccac ctttgaggct 1140
tggaagggtg gagacttgct ggtgacttac aactccatca aaggggcatg gtgaaataag 1200
ggcctgggct cctgacttct gggctagggc tcttccaaaag gcagagtctg gagaggcctg 1260
gctgtggcca gaccatgggg caagtggcta gaggggagag tagacagcag aggcagctgt 1320
ggcccccggg attagcactg ggggaccgga tgggggaggg aggcctcact ttgttctatc 1380
tgagcagctt cctcggcagt catgggactg attgagacca cgcgagggct cctcccgggg 1440
gcaggaggga ctcagaggct gcccgttgtt ctgggggttg ccctggcgaa ggagctcatc 1500
ttcacgggcc gacgactgag tggaactgag gccacgtac tggggctggt gaatcacgct 1560
gtggcccaga acgaggaggg ggacgccgcc taccagcggg cacgagcact ggccaggag 1620
atcctgcccc agggcccccatt tgccgtgcgg ctgggcaaaag tagccattga ccgaggaacg 1680
gaggtggaca ttgcatctgg gatggccatt gaagggatgt gctatgcccc gaattattcc 1740
acccgggacc ggctagaggg catggcagcc ttcagggaga agcggactcc caaatttgtt 1800
ggcaaatgac ccccatctta accttcagca tgggagatgc atgccctgaa gagcaggatc 1860
cagaaggaag atttgtggcc agattgcctt catcatttca cctctccaga cttccatttc 1920
ttcacaagga tgatgatgga aataaaatga ctggcgtgat gcctggaacc aaggtgctga 1980
tcctaccacc tactgtacc ttcttagct tcacctggc tagaaataat cacgagggtt 2040
gggtttgctt tgaaaaatgc ctgtctctct acttgaatga taaagaatta aattagatat 2100
ctctgaaaaa tggatatcatt ggctctcagc ccctgacctc tctcagttat caggcactca 2160
ttagagatgt cagaagattt taagataccc ctagtcttct cctgtgaaca acagaggtaa 2220
taaataaact ctgacatcgg ttgaacatgt gtcaggggtc agactgcaga tcccagctctc 2280
tgccagttac ttgctgtata accgtggaca aattgtttaa atgctctggg cctcagcttc 2340
ctcacctaca aaacaaaact tgtgaagatt tagcaaaata aaaacacttc atattc 2396

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

5 tgcagagagg ggcacggagc gggccgctca gaaagccacc cctggcgagg gtaaagccca1560
 gcggaacggg gagctggggc acaggcgtgg gcagcccgcg ggggccaca tgggctggga1620
 gtggcaccga cggcttcggg gcaggttgcg ggccgagaca ggtagggcta ggatggggtc1680
 ctccgagacc tggagggaag ggaa 1705

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17:

45 aagcacactc cactttcttc acccatttta catttccagt ttgccttac gcaaggtctc 60
 ttcttctctc gtggctctc cacctgcatg tgtccacctg ttaatgagac aggaacatgt120
 acactagttt tccttaccac aaaaatcaat ttgcaaataa gaccgagcag cttcctgttc180
 ccctcatgac a 191

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

aaatactgcc atgagaaact agagggcagg tcttgataaa agggcctttg aaccccccttt420
 ctgtccctgt tgtagggga tgggggttat ttggccccgc actgcagctg gccagcaact480
 ttggttaagg gactgttagg c 501

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16:

40

acaacccccg ccacccaaac ctcccaggct tctttttttc tttttttttg tttttttttg 60
 tttcaaagtt ataatgcatg gtttaaaaga gagaaaagga aaaaagacac aaagctgggt 120
 acagggtctga gggagtctaa ggagagaaaa atagaggag agtaaagggg ggacaaattt 180
 agggaaaaatc cagtggccca aaatcccagt atcccccca cagcccagcc cttggagcag 240
 gagtgaagaa ttagatcagt tttgtacaag agttttttta aaaaaatcaa atcacaacaa 300
 agctgacttg gcttctcttt gagcctcctg gatcacgta tgtctgtcac tctggccagt 360
 cctgcctctt cacaaacact gattcggctc tcctaggctt ccgcctgtgt ccaggtctgg 420
 ggtttccatg gagtgtgaac acgaagttaa gagtgaggct gcttcagagc ccctggccca 480
 tgtgtccatc cagactccaa gtggagtga gggctcccag ggcagagagg ggtgggaggg 540
 gcagaccctg cccaggcagt cctcacattg gacaggcat cagacggcat cccaagggt 600
 cgccctccct ttcccccca ccccaactca ggtggagggg gagcagctgt caccagagcc 660
 gatgttggtg aaggtttcgg ctccagcacg aacgaacatc agcgggtgaac ctgagggcat 720
 ccagcattgg gagcagggtg agaagggtg tgtcgctggg gtcactgaac caggatttga 780
 tggggatggc attgtctgga tggctcctgt aagcccctgg ggagttatcc aggatcaca 840
 tgctggagag gtcactgtgg accacagaga ggtccttgat gtactgtccc aactccaaag 900
 tgcagtgtg tctgtaatat ctccctctta gaatgcttct gctattgtcc agtttatctg 960
 ccacagcaga gccatagatc tccatgcttg ctgtaaacac caccagctcg taccactggc 1020
 tcaccacttc caggaagaaa tccacatggg gcctcttatg tacaaaaaac cggacaggat 1080
 gtttgtctat taccaccttg aggatgaagt caggaggcgt accaggccgg actgtgggccc 1140
 tcaggacccc atcatggtg gagtgaataa gtgtctcatc cagatccagc accaggatct 1200
 tcctcttcac ctgggctagc cgattccggg acacaggaga taaggggagg atatcatatc 1260
 gaacagtttg gtactgaatt accgtgcgga tctgcctccg caaaaggtaa atgaagaagc 1320
 tccagagctt ggcggcgaag gccacgaacg tgcgcagccc cagcagacac tgcgtccgca 1380
 tcatcccgat gacccggcac cgccggcccc ggggcccccg cggcccagct ccgccagccc 1440
 cccgggggca gccccccg ccgcgggacgg ggcacggggg ccccgagtgg caggagacgc 1500

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14:

15 ctttaaccgg gcttttaaaag gagtagtaac tgggccagga aaggctcttag aagcgatttt 60
 tggaggctag tggacgggtgt tctcctactg caaatatttt catatgggag gatgggttttc120
 tcttcattgta agtccttgga attgattcta aggtgatgtt cttagcactt taattcctgt180
 caaatttttt gttctccctt tctgccatct taaatgtaag ctgaaactgg tctactgtgt240
 20 ctctagggtt aagccaaaag acaaaaaaaa ttttactact tttgagattg ccccaatgta300
 cagaattata taattctaac gcttaaataca tgtgaaaggg ttgctgctgt cagccttgcc360
 cactgtgact tcaaacccaa ggaggaaact ttgatcaagg atgcccaacc ctgtgatcag420
 gaacctcaa atactggcca tgaggaaact aggaggggca ggtctttcat aaaaaggccc480
 tttggaacc cctttcccg cctgtgttt aaggagata ggggatatt ggggccctt540
 25 cacttgacg tggccacatt tggtcagtc ttctcagcct tgggactttg tttcaa 596

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15:

60 tggcacgtgt tctcctgact gacaaatgat ttcagatggg aggggtgggtt tgtcttcagt 60
 aatccttggg aattgaattc taggtggatg ttcttggaac ctttgaattc ctgtcaaatt120
 65 ttttgttctc cccttctggg ggggttaaaac ggtggggaaa ctggtctact gtgtctctag180
 ggttaagcca aaagacaaaa aaaattttac tacttttgag attgccccaa tgtacagaat240
 tatataattc taacgcttaa atcatgtgaa aggggttgctg ctgtcagcct tgcccactgt300
 gacttcaaac ccaaggagga actcttgatc aagatgcca accctgtgat cagaacctcc360

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:13:

acctcttttt ccctttttctt tctttttttct tcttttgcttt cttcttctttt tttttttttt 60
 taatttttgaa tgtatttttta aattttatttt ttcaaaataa tgacattagt aaaaatttta 120
 catagcctgt attgaattca cacattcaaa tgaggcttta ccagtaatga tggggattaa 180
 tacagagcta gtgtttggca tttgacttta tctcaaataa gctaactgct caatgaatta 240
 cagaagactc atactctttt tattttttcc tggaaattaa aaaagaaaag ctttactaaa 300
 tattgacata tatattttact ccaaatttta catttagtga aataagaata tctctagtag 360
 ctcagttaac atcaacagaa agcttcaaaa gatgattctg aaaatggcag gcaaaatttc 420
 tttttattgt aggcaattac ttaaactgga aatttggtt tatgcataat aagtcattgt 480
 ggtaaaacat ccacattgca gttagggttc cagtatctag cttttattta ttttttagca 540
 atgacattaa caagattttg ccagggttata aaaatgaggg ctttcttgag aattacttat 600
 agtttccgag ttgaatggca gagcgcacgt agacacatct gaagggtgat ggctgtatct 660
 ccagtgactg gaccgggttg ctgaaaagac tcacacccga ataagaagcc tttttggtgt 720
 tgtgtccagg tgggcagaaag tcacttgatc caactacaga gatattgttg ttatgaagg 780
 agacaacctg gatgtacttt ccccttccc ttacggaatt acatcttgat ggcaacaaaa 840
 tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaag gactgaataa tttggctaag ttgggattga 900
 gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc caacacgcct catctgaggg 960
 agcttcactt ggacaacaac aagcttacca gagtacctgg tgggctggca gagcataagt 1020
 acatccaggt tgtctacctt cataacaaca atatctctgt agttggatca agtgacttct 1080
 gccacactgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg tgtgagtctt ttcagcaacc 1140
 cgggtccagta ctgggagata cagccatcca ccttcagatg tgtctacgtg cgctctgcc 1200
 ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc atttttataa cctggcaaaa 1260
 tcttgtaaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga tactggaaac ctaactgca 1320
 tgtggatgtt ttaccacat gacttattat gcataaagcc aaatttccag ttaagta 1380
 tgctacaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa tcatcttttg aagcttctg 1440
 ttgatgttaa ctgagctact agagatattc ttatttcaact aaatgtaaaa tttggagt 1500
 atatatatgt caatatttag taaagctttt cttttttaat ttccaggaaa aaataaaa 1560
 agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt tgagataaag tcaaatgcc 1620
 aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaag cctcatttga atgtgtga 1680
 tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt ttgaaaaaat aaattt 1740
 atacattcaa aattactatt gtatacaagc ttaattgtta atattcccta acacaatt 1800
 tatgaaggga gaagacattg gtttggtgac aataacagta catcttttca agttctcag 1860
 tatttcttct acctctccct atcttacatt tgagtatggg aacttatgtc atctatgt 1920
 aatgtaagct tataaagcac aaagcatata tttcctgact ggtctagaga actgatgt 1980
 caatttacc ctctgctaaa taaatattaa aactatcatg tgaaaaaaag taatcagg 2040
 gaacatttct acaattacta gatgtattag acgtaagtat tttctttagt taaaccac 2099

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12:

```

cacggctgaa ggacaagagg tgggtgccct gtgctggggg ttttggctgg tccaacaacg 60
tccgacgctt tgtgatcgaa gaggttcctg gtgagctcat gcaggaagac ctggcaacgg 120
atggacgtca tgcttctgga cacctgggac caggctcttg tctgggttgg aaaggattct 180
caagaagaag aaaagacaga agccttgact tctgctaagc ggtacatcga gacggacca 240
gccaatcggg atcggcggac ggccatcacc gtggtgaagc aaggctttga gcctccctcc 300
tttgtgggct ggttccttgg ctgggatgat gattacgggt ctgttgttct gaaaaccccc 360
tcagccgcct acctgtgggt gggtacagga gccagcgagg cagagaagac gggggcccag 420
gagctgctca ggggtgctgcg ggcccaacct gtgcagggtg cagaaggcag cgagccagat 480
ggcttctggg aggccttggg cgggaaggct gcctaccgca catccccacg gctgaaggac 540
aagaagatgg atgccatcc tcctcgctc tttgcctgct ccaacaagat tggacgtttt 600
gtgatcgaag aggttcctgg tgagctcatg caggaagacc tggcaacgga tgacgtcatg 660
cttctggaca cctgggacca ggtctttgtc tgggttggaa aggattctca agaagaagaa 720
aagacagaag ccttgacttc tgctaagcgg tacatcgaga cggaccagc caatcgggat 780
cggcggacgc ccatcacctg ggtgaagcaa ggctttgagc ctccctcctt tgtgggctgg 840
ttccttggtt gggatgatga ttactggtct gtggaccctt tggacagggc catggctgag 900
ctggctgcct gaggaggggc agggcccacc catgtcaccg gtcagtgcct tttggaactg 960
tccttccttc aaagaggcct tagagcgagc agagcagctc tgctgtgtgt gtgtgtttgt 1020
tctttttttt ttacagtat ccaaaaatag ccctgcaaaa attcagagtc cttgcaaaat 1080
tgtctaaaat gtcagtgttt gggaaattaa atccaataaa aacattttga agtgtgtaaa 1140
aaaaaacgag ctcgagccg                                     1159

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11:

```
aactctctcc cttttccctc tctttctccc ctccttctct ccttctttct ccttttaagc 60
atthttggta tttttagtta aagaaaaaca gctttctcca agggcgacaa agtgaactga120
aggtcagaag gaagctgggt gcgggcttcc tgcaagctct tgctccaaaa cctggaagtg180
aggagagggc gctccggagc tctggggaag gttgggtgcac acaggggttc cgttgggtggg240
ggagaagagc cgccagccca cacacggtca ctggattggg gtgagtgggt tccaagcgac300
tgccatgtgc tagtccactg acatgattga cattaacatt cttggggggc attaaattaa360
ggaatgacac agggagccaa gagagtggct tattcgggtg gattctgaat cacaatcagg420
aaatagtctt tatctgggtc aaccataatt tcatttttct tggagcgaat tcgaaggaag480
gtgagatcgt tctgggggtc gatgtcacgc acggtgctcc gtgccttcag gatgaagctg540
tgcatgaggc tggcatactg ggtgggtggg gggttgtcca tgggtgctct gatgggaatg600
ccttctgtgt tcacgacgat gattccctgc actcccttct ggctctgcag tcgcttcagt660
gtctctccca cctctgccat ttccgaccga tccggtagcc ccgcgtagcg aacacttagc720
gagtcctgtg cctttctgcg 740
```

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1159 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

ggcccccatt gcagccccc cctgtgggt agtcttccag aagtgatgca gtggtgtgag2220
atgccctaca ccttggttatt tgggagactt tgagagtcac tcacttccat ggtgactagt2280
gtttgttttg cctgatttta tattctgtgt tgcatttctc cccactccct gccctgcttt2340
5 aataaacagc aaaccaatat ctaggaagaa tgactgaggg atagtattgg gtattggccc2400
catggcagga acagccactt gcatctggtc ccggtgccac actgcggtgc ttggtgtgggt2460
tgtggagcct gtccctgcgc gccttgctcc cgcttgagcca cgctgtctgg tgggtgattc2520
tctgccctga gccaccaccc tggactggcc cagtctccag agctggcaca ccctgcctgt2580
10 tttctctttt tagacacaac agccgcagtt tggccagcca ctaagtccca ccagctgagg2640
tccgaggaaa gcggggtgac tcatttccct tgtccagggc ccgaggagag tgagggtgtcc2700
agcctgcaaa gctattccag ctccctgggt ttggtttgca ataaattggt atttaagcaa2760
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 2802

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

50 ggcgacgta atcgccgagg gcacgtgcat gccccctggt taagagttgc aggtagcggg 60
agcgattgga cactctggat cgagtagtaa agcccaaac gaaaagagcc aagagattcc 120
ttgagaagag agaaccgaaa ctcaatgaaa atattaaaaa tgccatgctg attaaagggg 180
gaaatgcaaa tgcaacagtg acaaaagtac ttaaagatgt gtatgcactg aaaaaacat 240
acggtgtact atataaaaag aaaaatatta caagaccttt tgaggatcag acatcactgg 300
55 aattcttttc aaagaagtca gattgttctt tattcatggt tggctcccat aataagaagc 360
ggccaaataa tctagtaata ggtcgtatgt atgactacca tgtgctggat atgattgaat 420
taggtattga gaattttgtc tctctaaaag acattaagaa cagtaaatgt cctgagggaa 480
caaaacccat gctgatattt gctggcgatg atttcgatgt aacagaagat tatagaagac 540
60 taaaagtct tcttattgat ttcttcagag gccccacagt atcaaatatc cgcctggctg 600
gattagagta tgttctgcac ttactgcac tgaatgggaa gatttacttt cgaagctata 660
agttgctggt gaagaaatct ggttgagaa caccacggat tgaattggaa gagatgggac 720
cctcattgga tctggttctg aggaggacac acctggcatc ggatgacctt tataaattat 780
ctatgaaaat gccaaaagct ctcaagccaa agaagaagaa aaatatttcc catgatactt 840
65 ttggtaaac ttatggaagg attcatatgc agaagcaaga cctaagcaaa ctacaaacca 900
ggaaaatgaa ggggttgaag aagcgacctg cagaaaggat aacagaagac cagagaaaa 960
agtcaaaaag aattaaaaaa aattgatgga acttaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

gagttctctc tggagtctcg agcccgaggaa gtgcgttttg gtgaacctga gcaaggtggg 60
 cgagtattgg tggaaacgcca tccctggaggg agaagagccc atcgacattg acaagatcaa 120
 caaggagcgc tccatggcca ccgtggatga ggaggaaacag gcggtgttgg acaggcttac 180
 ctttgactac caccagaagc tgcagggcaa gccacagagc catgagctga aagtccatga 240
 gatgctgaag aaggggtggg atgctgaagg ttctcccttc cgaggccagc gattcgaccc 300
 tgccatgttc aacatctccc cgggggctgt gcagttttaa tgaccagaag gaaaggaaac 360
 cctcgccggg ggggaggcag agccttatcc tcggctgccc ttcttggttc cctgcattcc 420
 agggacttgc tcgtcttggt tacccttagc catcctttct ttcaagggtg aaccaggcct 480
 tccaccctga ccttgcatct ccagactgtt ccagagaagg tgcggggcca gctgctatgt 540
 ggtggccgct gtggctgaca ctgagtgaag gtgtttgaaa tgcaggagag gatataccag 600
 caaattggga tcacatgctt ttgtctccac agcaaccagc cactgcaggc agcatgtctt 660
 tcctccctcg ctctctgctt gctgttgttt tgacgctatt ctgcttgcat gtcttctggt 720
 tgggatgtgg agttgttgct ggactctcag gcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
 tctgtgcttg catgagggca agcaaggaat ggctgtgcct gaggctgctc tgggaaactc 840
 cttgcccctt gacctctttt gagagcattc acgtggctct cttgctcatc cccttataaa 900
 tgtgctttgc ctgcctcagc ctcatggtoa gagcagtga gactggagcc ctgtttgcac 960
 gttctagtgtg ttccggagaaa gcctagggtc tgggctcagg tccagatgca gcggggattc 1020
 tgttctctga ctgtggcgac cttgcttttg ttcttgttga agtgaaccaa gcccgccac 1080
 cacgcatggc atgctgtgct tggctcccca taagacgtcc tctttgggtg cagggtgtca 1140
 aagtgtgggc aggagtggag agctggtgcc ctgaggagga gaccacagca tgtccatcag 1200
 ctgagcagag ctgacagacc acaagtcttg agaagctttg acctgaagg gcttctggga 1260
 gaggaggaat ttctgcatgg ggcgtgaagg cactctgtcc caccacaact gaaccagaag 1320
 agagtgaaga ctccccctct cccatcctct gtgccagggt ccagactgtg ctcttggaa 1380
 cttatggccc aatcttacct gttctccagg gactggtcac tgcctcagga ccccaagcc 1440
 tatgcctga gccatggctg ctgactgact ccagccaagg tgcaaagac agattatgag 1500
 acaggtcctc aggcctgtgt tccaagtact cacaggggct ctgggtgccc atcgccggga 1560
 gtatggttca gctgccaccg gcactgtcca tttgcctgtc tgtcaagctc agagcatgga 1620
 taagccacac agcagggcag tgcaccctgg caccatgcac ggccagcaag aatcaaggcc 1680
 cgcatatgct aagagggcct attgtcaggg gaagggtccc gctcctgcac actctctatg 1740
 gatacttggg ttgtgggggc tctcttgagg agtaagtttg tggtttgttt ctggtttaca 1800
 gtggtggctg acacccttg taagaaagca ttctgggaa gtcttctgtg ggtccaaaca 1860
 tgttgctccg atcatcacag gagagcaaaa ggccctagat accccctttg gaatgtgaga 1920
 gtcttgttgt ctgatatgtt cactgagct ggtgaagccc ctctaaagag atctcgacct 1980
 tggggagcag aattcttgct atctatgagg ggtcctgaga aagacttgct attttttttc 2040
 ctggagtctt tccattgag gtcttaggat ttgcacacca ctgtccaca agagctttcc 2100
 tgcctaataa aaggaggtct tgtggtgtgt gtctcctctc ttctctatag ttcccgagtt 2160

30

35

40

45

50

55

60

65

```

ttggaaccac ggatgacaat ttgttcccat ttgcatgggt agatcctggt gaggtgaatg1740
cagcagagaa ggcagcagca ggatcctctt tggaaacttt tttgataact agcatcctgg1800
agggttgctt ggcactaggc gggttttccc atactccaga aggtgtccca ataggtctgc1860
5 atggctgatg ctgtttgcca gcttctggat tcaaggaagg aaagtccctc tcttcaaact1920
gcaacttttc caccctgtct tctttctttt cttccctaata ctccataggt ggcttttcct1980
gaaaagcaca ccctttccgg gagtgggaagc tgccattcca atggcgatgg ttccctgtgc2040
cacctccact acgttggtc atgccatcat gacctcgga agagctatgc caaccagatg2100
10 ggttccctgt gattccagca tatgctccct tagagacacc agagtccaca gaatcatggc2160
ggaacaggga gggctggtgc caagaatctc c 2191

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8:

```

ccctggccaa ctttaccceca ggccctgcc aacctcacctg cagcctaacc ttcacctccc 60
ccgccgccct gcacctcac ctccctggc caacttcacc ctgggctgtg ctccctgcc120
accccagggc tgagggtggc tgagtgccca cttccagact gggccactgg cacctcgagg180
50 gcatggggag gaccagcga tccccccca cccaggcata aagagccacc caaggagctg240
gacacggcct cctcgatga ggagaatgag gacggagact tcacgggtga cgagtggccg300
ggcctggccc cgaccgggga aatggagggt cgcaaccctc tgttcgacca cgccgactg360
tccgcgcccc tgccggcccc cagctcaccg cctgactgc catgacctgg aggcagacag420
acgcccacct gctccccgac ctcgaggccc ccggggaggg gcagggcctg gagcttcca480
55 ctaaaaacat gttttgatgc tgtgtgcttt tggctgggccc tcgggctcca ggccctggga540
ccccttgcca gggagacccc cgaacctttg tgccaggaca cctcctggtc ccctgcacct600
ctcctgttcg gtttagaccc ccaaactgga gggggcatgg agaaccgtag agcgaggaa660
cgggtgggta attctagaga caaaagccaa ttaaagtcca tttcagacct gcggaaaaaa720
60 aaaaaaaaaa gggg 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2802 Basenpaare

tgtgtgttta tgtcatagtt acattaaatt ccattcattg aataactcaaa aaaaaaaaaa1080
 aaaaaaaaaa aaa 1093

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 2191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7:

tggttttctga ctttatgtac tggtaattta ttgcacaggt ttttctgcat caaaaaagta 60
 tctgctaaaa tagagaaaca gttgtgtctg aattcacatt tccccccaac ttctaaaaat 120
 atttccccta aaaaagaatc cactcatcta attttaaaga aaatatactt cttacacaag 180
 acaatccaaa ctgatgcaaa atattttattc caagttagtt atttttatgca gtagtttccc 240
 cctcgagact tgtgataacc acatctttta aatctgtaaa taatgttatc aaaataatct 300
 taatctttga aatctcacia aaattttatat ttacaaatcc accctgaata tcaaggctgc 360
 aagaataaca caacatttcc tatatccaaa tattttacag ctgtacccaa aaaggaaaaa 420
 gaaaaaaaaa acaaaaaaaaaa acaaccaaaa aaaccacat atgcttggtt aagggtctaa 480
 gttacccgag cagccaaaaa taaaataaaa tatccaaatt attagcatta atttaataca 540
 attataactt caatagtcac tttgtcattg acaatgattg cttgatcaca ggggtgagtg 600
 cccaagggtc tggtagtaga agctgttgct gcagaccagt gtctcctctt ccctgcactg 660
 ccagctccta cctgtgcac gccccatata tactgggtgt gtatgtgtgt gtgtgtgtga 720
 gtgtgtttta aaaatctgtc ccaccacaca aacttctctc tataaagcag ataacaggga 780
 agaacaataa caaaagcaaa acaagccaat tgctctctct ttgggatatg attatttccc 840
 ttgtgaatga agtattcaac aacataagaa aaggaaaaga acgatttctt ttgtatactc 900
 cctaaacaca cagagtttac tgggtcagat ttaactgtga gcatttatat gcctacttcc 960
 aggcatcgtc atctgatgtt tcaactgtac tgggttcggt gtctgagtcc tcaaactctg1020
 ctttgcaagt gcttctccaa ggggagaaca gactggaact gcggctctgc aagaagccat1080
 tctttccaaa gccatttctt ctgagctgct ctgtcttcat gtggaactct ttgagctcat1140
 cctctgtgag gggaaggcaa ttctcatcat ttccaggata ttccctgcaa cccatagctt1200
 tcaataacct gtgctctgct tctagagagt gtgagagaac ctccccttct tccactacag1260
 ggagggcaag accattttga tgacagcctt cctcccccatt ttcccttgggt tcagggtgtgc1320
 tggtgtcctc caaatcttcc agcttgtcac agtctctatt ctctgagaag tctccattcc1380
 ggtcatcctt cagagttttc aggaactcac tcttctctgtc ggtggttcgg cggttcaact1440
 tggtcagacg agaggagctg atctcaattg gaggggtggt gctggaggga ctctctttgg1500
 gagaactcag agctgcacca ctagccagta ccactgggtt ggtaacagag attggactgg1560
 taaaagcaga ctcccggcta gaggaagggt atcctgactt gtgctccatc ctggttagctt1620
 tccatgcatt aggcttgga ggaggttgga caggcttagg aaccagggtc ttatagacac1680

40

45

50

55

60

65

```

aaccggaagg gagaatttat tttttgaaac tgaaggaagt cccgaccttc ctggattgaa1560
gtgcacactc atggacttta ggtttagaaa cctcctcagc cttcatttgt tegtggatgt1620
gtgagctctg aggggtggccc tgctattcct ctgtgtgcct gtagtgctcc cagcataggg1680
5 gtcttaggca tagggctgaa cagtccttcc agagccctcg ttccaatccc tgccgtcctt1740
gcccttgagg ggccttgacc actgtgagca ggagggtggc agagctggga caaagctgcc1800
tttgccgctg ggctttccgg gactgtggag ggagcacagg cggggaagct ccacttcaga1860
cagggtcttg tggggcagga catggctccc attttgaagg gaggtctcca tgttggtccga1920
10 gtgaggtgag acggccctcg tcctggtgtt cctgatcatc ttgaaagggt cttctggaac1980
tcctgtcccc ttagtcatga gaacagaaag tgcaatatat cctttcacct ggcaggggag2040
gggggattta tttctgaaaag aaaaatataa aaacagatct tctacattta tatttttaaat2100
cttctgttaa atacactttc cgatattgcc ttgccttttg agctcttgct acagtcgcct2160
ttgtactgc ttttaagagaa ttacaggta ttgataaaga acaagactgt tttattaaaa2220
15 gctttattca acttgaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 2256

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

```

50 atttcccaaa gaagggtcaa gttcgagatc cctggacttc actacctccg gcatccaggt 60
gcgctacctg aagatcattg agaagagtgg gtaccaggcc ctgccctggg tgcgttatat 120
cacgcagaat ggagattacc agctccggac ccagtgaggg gctgtcgcag ccaacacccc 180
55 ggcctcgggg ctctggtggg cagcaccagg ggacacacct gccaaacca ccagatggag 240
gggccctccc tgggtctctg ccacctccc agcctctgcc cagggaaccc tgccttcccc 300
aggccatctg ctctgccgtc gacactcgtc tcagaagccc ctttcccaga agaggctggt 360
cttcaagaag tctcgtttct ttgccctga agtcagtttc aggggaagga tgtgaaattt 420
ttccgtgtag aggttacagc cttttatgct gttgagctcc caggtaacca aaagcttggc 480
60 caacgcttgc cagccagcca gctgcagggt gcatctgcca cgaaggaagc gccagcctcg 540
ccaggccagc aggggcgtcg ttttgttgcc attttgttga acgttatggg tttatgggtg 600
ttcctggaac ttgtctttgt gcattcgttg ctgttttgtt taccctcaact gtccccatgt 660
cccacccacg tcctacggca ctcaggaagc acttgggtgag gacgagccct cacccttctt 720
gtcttccttc ccagcagcgc ccgcagcggg ccatttacac gtcgaggctg gcacctggcg 780
65 cgctcggggg cactgtagc gtctgcctgc tccctggact cgcaggcctc gcctgtggcg 840
ccttcccagg gccagcctgg gtcacagat gctgtcactc agccagatca gtattgacc 900
accaggggag gtgggggttg gtgagagacg ccagcctcag actttttccc actgagggtc 960
cagagagcgg ggccacgtgt caccacgtc tgcgcttggt caccgcctc cccacccctg1020

```

ttcttgaatt tagaaattac atctttgcag ttctgttagg tgctctgtaa ttaacctgac1980
 ttatatgtga acaatttttca tgagacagtc atttttaact aatgcagtga ttctttctca2040
 ctactatctg tattgtggaa tgcacaaaat tgtgtaggtg ctgaatgctg taaggagttt2100
 aggttgatg aattctacaa ccctataata aattttactc tatacaaaaa aaaaaacgaa2160
 ccgg 2164

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5:

40

tttgagactg agtctcactc ttttgcccag gctggagtgc agttactaac tttcatatga 60
 ttagtccctg gtaaattttcc ccatctttcc cggatattct gggggagccg cgggaggtgg 120
 cagctgagcg tgcaactacca tgcacagccc tctgtgacca gcacctgctg ttctcttgaa 180
 cgtgtgtccc tgcccgcctg cctggcctca agctcagctg tctccagtac tacacgggac 240
 ccagcaatgc aacggcaggg atggaaacgg agggcagctg cctggagaac cccaagtatt 300
 acaactatgt gggcgtgctg tccctcatcg ccaccatcat gctggtgcag gtcagccaca 360
 tggtagaagct cacgctcatg ctgctcgtcg caggcgccgt ggccaccatc aacctctatg 420
 cctggcgtcc cgtctttgat gaatacgacc acaagcgttt tcgggagcac gacttaccta 480
 tggtagcctt agagcagatg caaggattca accctgggct caatggcact gacaggctgc 540
 cctgggtgcc ttccaagtac tctatgacgg tgatggtgtt cctcatgatg ctgagcttct 600
 actacttctc ccgccacgta gaaaaactgg caccgacact tttcttggtg aagattgagg 660
 tccacgacca gaaggaaagt gtctatgaga tgcgacgctg gaacgaggcc ttggtcacca 720
 acatgttgcc tgagcacgtg gcacgccatt tcctggggct caagaagaga gatgaggagc 780
 tgtatagcca gacgtatgat gagattggag tcatgtttgc ctccctgccc aactttgctg 840
 acttctacac agaggagagc atcaacaatg gtggtattga gtgtctgctg ttccctcaatg 900
 aatcatctc ggattttgac tctctcctgg acaatcccaa gttccgggtg atcaccaaga 960
 tcaaaaccat tggcagcacg tatatggcgg cttcaggagt caccctcgat gtcaacacca1020
 atggctttgc cagctccaac aaggaagaca agtccgagag agagcgctgg cagcacctgg1080
 ctgacctggc cgacttcgct ctggccatga aggatacgtc caccaacatc aacaaccagt1140
 ccttcaataa cttcatgctg cgcataggca tgaacaaagg cgggggtctg gctggggtca1200
 tcggagcccg gaaaccacac tacgacatct ggggcaatac agtcaatgta gccagcagga1260
 tggagtccac gggggtcatg ggcaacattc aggtggtaga agaaacccaa gtcacccctc1320
 gagagtacgg ctccgctttt gtgaggcgag gcccatctt tgtgaagggg aagggggagc1380
 tgctgacett cttcttgaag gggcgggata agctagccac cttccccaat ggccctctg1440
 tcacactgcc ccaccaggtg gtggacaact cctgaatggc ctcgagcctg caacagtcca1500

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2164 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

35 cgcaaaccccc caactcaggc acttggggccc cttttggggc cctctctgct cctcccttta 60
   ggcacctccc tgggcccgc caccggtctcc ccccagtttg ggactgcggc ataagtatcc 120
   cagacctcgg cttgcagtag tgtagactg aagataaagt aagtgcgtgt tgggctaaca 180
   ggatctcctc ttgcagtctg cagcccagga cgctgattcc agcagcgctt taccgcgcag 240
   ccgaagattc actatggtga aaatcgccct caatacccct accgccgtgc aaaaggagga 300
40 ggcgcggcaa gacgtggagg cctcctcgag ccgcacggtc agaactcaga tactgaccgg 360
   caaggagctc cgagttgcc acccaggaaa agagggctcc tctgggagat gtatgcttac 420
   tctcttaggc ctttcattca tcttggcagg acttattggt ggtggagcct gcatttaca 480
   gtacttcatg cccaagagca ccatttaccg tggagagatg tgcttttttg attctgagga 540
45 tectgcaaat tcccttcgtg gaggagagcc taacttctg cctgtgactg aggaggctga 600
   cattcgtgag gatgacaaca ttgcaatcat tgatgtgcct gtcccagtt tctctgatag 660
   tgacctgca gcaattatc atgactttga aaaggggaat actgcttacc tggacttggt 720
   gctggggaac tgctatctga tgccctcaa tacttctatt gttatgcctc caaaaaatct 780
   ggtagagctc tttggcaaac tggcgagtg cagatatctg cctcaaaact atgtgggttc 840
50 agaagacctg gttgctgtgg aggaaattcg tgatgttagt aaccttggca tctttattta 900
   ccaactttgc aataacagaa agtccttcgc ccttcgtcgc agagacctct tgcctgggtt 960
   caacaaacgt gccattgata aatgctggaa gattagacac ttccccaacg aatttattgt 1020
   tgagaccaag atctgtcaag agtaagaggc aacagataga gtgtccttgg taataagaag 1080
   tcagagattt acaatatgac tttaacatta aggtttatgg gatactcaag atatttactc 1140
55 atgcatttac totattgctt atgctttaaa aaaaaagta gagctctttg gcaaaactgg 1200
   gagtggcaga tatctgcctc aaacttatgt gggtcgagaa gacctagttg ctgtggagga 1260
   aattcgtgat gttagtaacc ttggcatctt tatttacc aa ctttgcaata acagaaagtc 1320
   cttccgcctt cgtgcagag acctcttgct gggtttcaac aaacgtgcc ttgataaatg 1380
60 ctggaagatt agacacttcc ccaacgaatt tattgttgag accaagatct gtcaagagta 1440
   agaggcaaca gatagagtgt ccttggtaat aagaagtcag agatttaca tatgacttta 1500
   acattaaggt ttatgggata ctcaagatat ttactcatgc atttactcta ttgcttatgc 1560
   tttaaaaaaa ggaaaaaaa aaactacta accactgcaa gctcttgta aattttagtt 1620
   taattggcat tgcttgtttt ttgaaactga aattacatga gtttcatttt ttctttgaat 1680
65 ttatagggtt tagatttctg aaagcagcat gaatatatca cctaacatcc tgacaataaa 1740
   ttccatccgt tgtttttttt gtttgtttgt tttttctttt cttttaagta agctctttat 1800
   tcatcttatg gtgcagcaat tttaaaattt gaaatatatt aaattgtttt tgaacttttt 1860
   gtgtaaaata tatcagatct caacattggt ggtttctttt gtttttcatt ttgtacaact 1920

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1536 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

aaaactttttt tttttttttt caatgtgcaa agtctttttat ttaaaattttt agaagttaag 60
acttacgacc acctcagtat atgcoattcc taatagaagg aggtatgacg gtttcaaact 120
cgtgcagagc tgcatttttca ttacaagtc tctgtaggca ctttagaagt gaagcttggc 180
ttcaaaaatac aaacactggg ggctttggct caacctttta atataaaaaa attcactgat 240
gtacaaaaaat ttgaaagtgt gacaatgaca attatgaaat cctgtgactg aaagtccct 300
cgagtgcact ctgtgggtgca catgcgcccg cccacacaaa ctctggcatg gaaacataaa 360
ctaattgcaa ccagtgtctac ccagaagcac caacacgtgt gttctccatt ccaccaatca 420
cagaccagta tctactccaa acatccagta acgaaaacta tggcatcttc ccaggaacag 480
caaggcaggc ttcttactca cgatgaacca gcacgaataa accagcaaa aagagaactg 540
catacttaaa tttaggatag tcattcatga ggatcgtcac aattccaata taaggaacaa 600
atccccctggc tctccccaca acatcttttt tctctagcca atgttgtoct tgtttataga 660
ggcctcggtc atcaaccgca ttattatctc ctttgggtcaa aaacttgata tgcccatttt 720
gcttttcatg aatcttcaag actoggtgaa ctataggaat ctctcttct tctatcctaa 780
aaacaacaat ttctccact cgtatgggat cttcaactcg atttgtaga aagagaagat 840
ctctctatg aaatgcaggt tccatgctgc cactgagcac cactacaatc ggactttcac 900
ttccagttat taccattaac cccttcaga tcattagtgc cgatgagaca atcattccaa 960
aatttaggac ttgataatag actgcgctt gttcatccgc cgcacatcgt ccaaaaagtct 1020
tagagacagc atggcgggga cggcgagcag gacaccggca ggggaaaggg cgcgatgacc 1080
agcggcgagg actactggag ctcggtcg gctcacactg gacaggacc cgcagtgcct 1140
gcacttcgc ttccggggcg ggagctggca cggtcgggca cggtcctcgc ccccgcgcc 1200
ccttcgctgc ggagagctga cagagagact cagcacttg ctagtccagt ctcagggtct 1260
ggcctcgcgc tgggagggtt ctacgctct ggctctcgc tgccaaaaac cgactggacg 1320
ccacttcccg cgtcggccc cgcggccctt caccgaggcg gcgaccagg cttagtggg 1380
gaggctgctc tgccaattcg gaaggcgggc ctctgtgccc gcccgccaa tcgcgagcaa 1440
cctctccggt gtggcggggt agaagcggtt ccgcgtccc gcttgggtat ggggtgaggc 1500
gtggatgtgt cgtctgaccg taggttctct ggtcga 1536

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1500 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

35 gccaacacca gcacccgcgc aacgccttag ggagggcggc tcaggcgccc cggagcaggc 60
   agagtgcgtg gagctgctgc tggccctggg cgagcctgcg gaggagctgt gcgaggagtt 120
   cctggcgcac gcccgcggcc ggctggagaa ggagctgaga aacctggagg ccgagctggg 180
   gccctcacct cgggctcccg acgtgttaga gttcaccgac catggaggca gtggcttcgt 240
40 gggcggcctc tgccaggtgg cggcggccta ccaggagctg tttgcggccc agggcccagc 300
   aggtgccgag aagctggcgg ccttcgcccg gcagctgggc agccgctatt ttgcgctggt 360
   ggagcggcgg ctggcgaggg agcaggggtg tggtgacaac tcaactgctg tgccggcgct 420
   ggaccgcttc caccggcgct tgcgggctcc cggggccctg ctggccgctg cggggctcgc 480
   agacgctgcc acggagatcg tggaaacgag ggcccgcgag cgcctggggc accacctgca 540
45 gggctctccg gcggccttcc tgggctgcct gacagacgtc cgccaggcgc tggcagcacc 600
   tcgctggtgt gggaaggagg gccctggcct ggccgagttg ctggccaatg tggccagctc 660
   catcctgagc cacattaagg cctctctggc agcagtgacac cttttcaccc ccaaagaggt 720
   gtccttctcc aacaagccct acttccgggg tgagttctgc agtcagggtg tccgtgaggg 780
50 cctcatcgct ggcttcgtcc actctatgtg ccagacggct cagagcttct gcgacagccc 840
   tggggagaag gggggtgcca caccacctgc cctgctcctg ctgctctccc gcctctgcct 900
   ggactacgag acggccacca tctcctacat cctcactctc actgatgaac agtttctggt 960
   gcaggatcag ttcccagtga cggccgtgag cacgctgtgt gcagaggcca gggaaacggc1020
   gcggcgggct ctgacccact acgtgaaggt gcagggcctg gtcatatcac agatgctgcg1080
55 caagagcgtg gagactcgcg actggctcag cactctggag ccccggaatg tgccggccgt1140
   catgaagcgg gtggtggagg ataccaccgc catcgacgtg caggtggggc tcctgtacga1200
   agaggggtgt cgcaaggccc agagcagcga ctccagcaag aggactttct ccgtgtacag1260
   cagctctcgg cagcagggcc gctacgcccc cagctatacc cccagtgcgc cgatggacac1320
60 caacctcttg agcaatatcc agaagctatt ctctgaacgt attgatgtgt tcagccctgt1380
   ggagttcaac aaggtgtcgg tgctgaccgg catcatcaaa gatcagccct gaaagaacgc1440
   ttgctgggag tgtgtgcggg ctgcgaacct ttttgccctt ttgcgggctt caaCaagggg1500

```

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cttgaacttc taggatacag aaaagaagat ctaggaaaga agattgcttt ggccttgaac 60
aaagtgggat ggagccaatg tggctcttaa agactctgac caagtagcac agagtgatgg 120
ggaggagagc cctgctgctg aagagcagct cttgggagag cacattaaag aggaaaaaga 180
agaatctgaa tttctaccct catctggagg aacatttaat atctctgtca gtggggacat 240
tgatggttta attactcagg ctttgcctgac gggcaatttt gagagtgcctg ttgacctttg 300
tttacctgat aaccgcatgg cccatgccat tatattggcc atagcagggtg gacaagaact 360
cttggctcga acccagaaaa aatacttcgc aaaatcccaa agcaaaatta ccaggetcat 420
caactgcagtg gtgatgaaga actggaaaga gattgttgag tcttctgac ttaaaaattg 480
gagagaggct ttagctgcag tattgactta tgcaaaagccg gatgaatttt cagccctttg 540
tgatcttttg ggaaccaggc ttgaaaatga aggagatagc ctcctgcaga ctcaagcatg 600
tctctgctat atttctgcag ggaatgtaga gaaattagtt gcatgttgga ctaaaagctca 660
agatggaagc caccctttgt cacttcagga tctgattgag aaagtctgtca tctgcgaaa 720
agctgtgcaa ctcaactcaag ccatggacac tagtactgta ggagtctct tggctgcgaa 780
gatgagtcag tatgccaatt tgttggcagc tcagggcagt attgctgcag ccttggcttt 840
tcttctgac aacaccaacc agccaaatat catgcagctt cgtgacagac tttgtagagc 900
acaaggagag cctgtagcag gacatgaatc acctaaaatt ccgtacgaga aacagcagct 960
ccccagggc aggcctggac cagttgctgg ccaccaccag atgccaagag ttcaaaactca 1020
acaatattat ccccatggag aaaaatcctcc acctccgggt ttcataatgc atggaaatgt 1080
taatccaaat gctgctggtc agcttcccac atctccagggt catatgcaca cccagggtacc 1140
accttatcca cagccacagc cttatcaacc agccagccg tatcccttcg gaacaggggg 1200
gtcagcaatg tatcgacctc agcagcctgt tgcctcctct acttcaaacg cttaccctaa 1260
cacccttac atatctcttg cttcttcta tactgggcag tctcagctgt acgcagcaca 1320
gcaccaggcc tcttcaccta cctccagccc tgctactctt ttccctcctc ccccttccct 1380
tggagcatcc ttccagcatg ggcggaccag agctccaaca tcatcttcag cttatgcact 1440
gcctcctgga acaacaggta cactgcctgc tgccagttag ctgcctgcgt cccaaagaac 1500
agaaaaccag tctatccaag accaggcacc tatgttggaa ggtcctcaga atggttggaa 1560
tgacctcca gcttgaaca gagtacccaa aaagaagaag atgcctgaaa acttcatgcc 1620
tctgttccc atcacatcac caatcatgaa cccgttgggt gacccccagt cacaatgtct 1680
gcagcaacag ccttcagctc cagtaccact gtcaagccag tottcattcc cacagccaca 1740
tcttccagggt ggccagccct tccatggcgt acagcaacct cttggtcaaa caggcatgcc 1800
acctctttt tcaaagccca atattgaagg tgccccagg gtcctattg gaaatacctt 1860
ccagcatgtg cagtctttgc caacaaaaaa aattaccaag aaacctattc cagatgagca 1920
cctcattcta aagaccacat ttgaggatct tattcagcgc tgcccttctt cagcaacaga 1980
ccctcaaacc aagagggaag tagatgatgc cagcaaacgt ttggagtttc tgatatgata 2040
acttagggaa cagacacttt caccaacaat caccagtggg ttacacaaca ttgcaaggag 2100
cattgaaact cgaaactact cagaaggatt gaccatgcat acccacatag ttgacaccag 2160
caacttcagt gagacctctg ctttcatgcc agttctcaaa gttgttctca cccaggccaa 2220
taagctgggt gtctaaaagg acagcttctc ttccactcaa tattgccatt tttccaaaga 2280
aacatgttaa aaaaaaaaaa tataagacat ggactagtcc tcattagcat gtttgcatag 2340
caaccagtca agagcattta cactatttct gctgatatac tcaccttaga actgctcaga 2400
accctggtgc tttatttttg ttttaattct ttgttgccag tgatgatttt cctattctgc 2460
aaatagtgtg tttcctggat tacacatagt atggtttcct gaagtattct gataaatgtg 2520
tttttaaaa cctcaatata ctttttagaa aaggagcacc ttggtatgca taaagcagag 2580
ctaaaactaa atttctttca tgtcctccct acttctcag tgtcaatcag attaaagtgt 2640
gtaatcctaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agag 2674

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovarnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 217

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

DE 198 16 395 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
28	167	
	168	
	169	5
29	170	
	171	
30	172	
	173	
31	174	10
	175	
	176	
32	177	
	178	
33	179	15
	180	
	181	
34	182	
	183	
	184	20
35	185	
	186	
	187	
36	188	
	189	25
	190	
37	191	
	192	
	193	
38	194	30
38	195	
	196	
39	197	
	198	
	199	35
40	200	
	201	
	202	
41	203	
	204	40
	205	
42	206	
	207	
	208	
43	209	45
	210	
	211	
44	212	
	213	
	214	50
45	215	
	216	
	217	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

55

60

65

DE 198 16 395 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen		Peptid-Sequenzen (ORFs)	
Seq. ID. No.		Seq. ID. No.	
5	1	104	
	2	105	
	3	106	
	4	107	
	5	108	
10	6	109	
		110	
		111	
	7	112	
		113	
15		114	
	8	115	
		116	
		117	
	9	118	
20		119	
		120	
	10	121	
		122	
	11	123	
25		124	
		125	
	12	126	
		127	
	13	128	
30		129	
		130	
	14	131	
		132	
	15	133	
35		134	
		135	
	16	136	
		137	
	17	138	
40		139	
	18	140	
		141	
		142	
	19	143	
45		144	
		145	
	20	146	
		147	
		148	
50	21	149	
		150	
		151	
	22	152	
		153	
55		154	
	23	155	
		156	
	24	157	
		158	
60		159	
	25	160	
		161	
	26	162	
		163	
65		164	
	27	165	
		166	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlich keit für eine spezifische Expression im Tumorfrem Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs -EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
81	98,11	Cystatin C	329	906	
82	99,90	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein	264	595	
83	99,49	Actin depolymerizing factor	258	1568	
84	99,53	Human NifU-like protein (hNifU)	251	1047	
85	99,95	Human apM2	110	519	
86	97,83	Human tyrosine kinase (HTK)	325	2170	
87	100,00	Human transcriptional corepressor hKAP1	271	2264	
88	100,00	Human mRNA for Qip1	242	511	
89	99,44	Human translation initiation factor 3	307	1270	
90	98,49	Human matrilin-2 precursor mRNA	258	2863	
91	63,39	Homo sapiens N2A3	289	1315	
92	95,33	unbekannt	266	3287	
93	94,74	Homo sapiens m6A methyltransferase	334	2260	
94	98,99	Homo sapiens PRP8 protein	301	2786	
95	89,67	Human c-erbA	174	2125	
96	99,70	Human cysteine-rich peptide	255	1910	
97	95,33	Diacylglycerol kinase delta	258	1615	
98	97,02	Human ras-related small GTP binding protein	252	1669	
99	98,73	Human plasma gelsolin	261	4186	
100	98,27	unbekannt	139	2042	
101	99,97	Human matrix Gla protein (MGP)	262	741	
102	100,00	Human plasma glutathione peroxidase	238	1644	
103	98,43	Human 26-kDa cell surface protein TAPA-1	272	1341	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfreen Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
52	87,23	Human ORF	260	1177	
53	89,98	Phospholipase A2, group IIA	262	1116	
54	100,00	Decorin	232	2078	
55	94,50	Human cholesterol side-chain cleavage	351	1556	
56	97,10	Human FK-506 binding protein homologue	326	1581	
57	63,39	Glutathione S-transferase A2	238	1145	
58	100,00	Vimentin	339	1121	
59	97,02	H.sapiens HLA-E	270	620	
60	99,99	Homo sapiens DRAL	358	1585	
61	97,93	Human H19	285	947	
62	94,74	Spectrin, beta, non-erythrocytic	230	2559	
63	100,00	Human mRNA for cyclin I	273	1493	
64	99,07	Human mRNA for unknown product	216	1135	
65	99,49	H.sapiens NAP	217	1271	
66	100,00	Human Wilms tumor-related protein	320	887	
67	87,23	Human TSC-22 protein	263	1487	
68	94,74	H.sapiens mRNA for dynactin	327	3534	
69	97,93	H.sapiens alpha NAC	238	369	
70	100,00	H.sapiens BBC1	245	915	
71	94,74	Fibulin 1	121	2150	
72	97,83	Human cancellous bone osteoblast serin protease with IGF-binding motif	290	1705	
73	87,16	Guanine nucleotide binding protein	241	2236	
74	95,89	HUMSUPY040	253	1565	
75	86,56	Prostatic binding protein	279	1240	
76	100,00	IGFBP5	296	4750	
77	92,17	Homo sapiens apurinic/apyrimidinic endonuclease (HAP1)	269	1505	
78	100,00	Human insulin-like growth factor binding protein-4	255	2008	
79	94,74	Homo sapiens type II inosine monophosphate dehydrogenase (IMPDH2)	259	1905	
80	99,92	Desmin	135	2156	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorflecken Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
24	97,10	unbekannt	130	656	Chr.19, D19S219-D19S418
25	100,00	unbekannt	265	745	Chr.16, D16S3093-D16S409
26	97,83	unbekannt	133	843	Chr.3, 216.7 cR
27	95,33	unbekannt	318	1217	Chr.7, D7S486-D7S2487, Chr.8, D8S556-D8S547
28	97,83	unbekannt	271	977	unbekannt
29	99,53	unbekannt	226	556	unbekannt
30	98,99	unbekannt	112	116	unbekannt
31	89,67	unbekannt	328	2169	unbekannt
32	95,33	unbekannt	232	232	Chr.9, D9S162-D9S171
33	98,99	unbekannt	340	595	Chr.3, D3S1569-D3S1550, Chr.20, D20S891-D20S109
34	94,50	unbekannt	157	1089	unbekannt
35	97,10	unbekannt	261	2510	Chr.2, D2S155-D2S2382
36	98,99	unbekannt	296	2058	Chr.17, D17S840-D17S785
37	97,10	unbekannt	269	2073	unbekannt
38	53,52	unbekannt	269	269	Chr.9, D9S178-D9S286
39	95,33	unbekannt	216	386	unbekannt
40	94,74	unbekannt	342	1491	Chr.10, D10S537-D10S218
41	94,50	unbekannt	299	1790	unbekannt
42	99,53	unbekannt	262	512	Cosmid V857G6, DXS366-DXS87 o.i Chr. X
43	89,67	unbekannt	256	1678	unbekannt
44	99,43	H.sapiens BBC1 Spleißvariante	172	154	unbekannt
45	97,10	Homo sapiens m6A Methyltransferase Spleißvariante	247	1670	unbekannt
46	75,36	Homo sapiens microsomal glutathione S-transferase 3 (MGST3)	319	731	
47	99,99	unbekannt	249	881	
48	99,99	H.sapiens PTP1C/HCP	330	997	
49	99,49	Human transcription factor ETR101	237	2076	
50	99,99	Human Insulinoma rlg-analog	289	548	
51	63,39	Human nucleobindin precursor	260	2427	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorfreen Gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST	Länge der angemeldeten Sequenz	Chromosomale Lokalisation
1	87,23	Humanes Homolog zu AB004537, <i>S. cerevisiae</i> WEB1 PROTEIN	225	2674	Chr. 4, D4S395-D4S414 und Chr. 3, D3S1572-D3S1610
2	60,00	Humanes Homolog zu AF003145 aus <i>C. elegans</i>	248	1500	unbekannt
3	99,22	Humanes Homolog zu J05466, Dog microsomal signal peptidase complex (SPC 18)	263	1536	Chr. 8
4	90,84	Humanes Homolog zu L38971, <i>Mus musculus</i> (E25) mRNA	290	2164	Chr. Xq21.1-21.2
5	98,49	Humanes Homolog zu M55075, <i>R. norvegicus</i> type III adenyl cyclase mRNA	257	2256	Chr. 2, D2S171-D2S174
6	95,33	Humanes Homolog zu M62419, Mouse clathrin-associated protein (AP47)	267	1093	Chr. 19, D19S226-D19S930
7	97,10	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid ZC204	316	2191	Chr. 1, D1S193-D1S231
8	95,33	Humanes Homolog zu <i>M. musculus</i> npdc-1	220	734	Chr. 9, D9S158-D9S1838
9	98,99	Humanes Homolog zu <i>Mus musculus</i> MNUDC Protein	227	2802	Chr. 7, D7S691-D7S478
10	98,99	unbekannt	245	1011	unbekannt
11	79,57	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T24H10	252	740	unbekannt
12	98,73	Partiell Homolog zu Human Plasma gelsolin	269	1159	unbekannt
13	100,00	Partiell Homolog zu Decorin	248	2099	unbekannt
14	99,54	Partiell Homolog zu HHCPA78	227	596	unbekannt
15	97,73	Partiell Homolog zu HHCPA78	231	501	unbekannt
16	73,80	Partiell Homolog zu Homo sapiens HYA22	226	1705	Chr. 17, D17S796-D17S980
17	53,52	Partiell Homolog zu Homo sapiens ccr2b	191	191	unbekannt
18	97,83	Partiell Homolog zu H.sapiens AU-binding protein/Enoyl-CoA hydratase	357	2396	Chr. 1, D1S231-D1S2661
19	97,10	Partiell homolog zu Zink-Finger Proteinen	252	869	Chr. 6
20	80,84	Partiell Homolog zu Homo sapiens Necdin	220	1462	unbekannt
21	97,10	unbekannt	254	1676	Chr. 3, D3S3564-D3S1588
22	57,38	unbekannt	215	602	unbekannt
23	95,33	unbekannt	355	357	Chr. 2, D2S337-D2S147

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), NucleicAcids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if Ho Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1014	0.0639	1.5865	0.6303
	Brust	0.0576	0.0564	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0749	0.0364	2.0558	0.4864
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0326	0.7315	1.3671
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0231	1.4910	0.6707
	Gehirn	0.0436	0.0883	0.4939	2.0246
	Haematopoetisch	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0771	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0265	0.0550	0.4819	2.0753
	Hoden	0.0748	0.0819	0.9137	1.0945
	Lunge	0.0675	0.0511	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0480	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0489	0.0274	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0182	0.0221	0.8227	1.2156
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0915	0.0596	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.1216	0.1583	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.1220	0.0747	1.6324	0.6126
	Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.1780			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0433
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.1454
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1156
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0608
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0204
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0702	0.0128	5.4916 0.1821	5
Brust	0.0691	0.0226	3.0624 0.3265	
Duennndarm	0.0429	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0689	0.0052	13.2394 0.0755	
Endokrines_Gewebe	0.1482	0.0953	1.5551 0.6430	
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275 0.2683	10
Gehirn	0.0651	0.0185	3.5198 0.2841	
Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.1358	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0381	0.0323	1.1765 0.8500	
Herz	0.0583	0.0412	1.4135 0.7075	15
Hoden	0.0288	0.0585	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0789	0.0491	1.6088 0.6216	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.5403	0.1506	3.5867 0.2788	20
Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453 0.6078	
Penis	0.0299	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0240	0.0149	1.6086 0.6217	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243 0.9763	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939 1.4412	
Brust-Hyperplasie	0.0320			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.1176			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0213	
Lunge	0.0289	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0494	45
Placenta	0.0667	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.1224	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	55
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0140	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.4954	65
Uterus_n	0.0458	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.1482	0.1201	1.2333	0.8108
	Brust 0.4835	0.4229	1.1433	0.8747
	Duennndarm 0.0521	0.0165	3.1513	0.3173
	Eierstock 0.0659	0.0130	5.0655	0.1974
	Endokrines_Gewebe 0.0460	0.0226	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal 0.0307	0.0324	0.9467	1.0563
	Gehirn 0.0259	0.0544	0.4754	2.1033
	Haematopoetisch 0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0771	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.1251	0.1649	0.7581	1.3190
15	Hoden 0.1266	0.0234	5.4117	0.1848
	Lunge 0.0634	0.0348	1.8229	0.5486
	Magen-Speiserohre 0.0483	0.1533	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett 0.0531	0.0840	0.6323	1.5816
	Niere 0.0543	0.0616	0.8812	1.1349
20	Pankreas 0.0099	0.1104	0.0897	11.1428
	Penis 0.1048	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0915	0.0532	1.7197	0.5815
	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1372	0.2173	0.6313	1.5841
25	Uterus_allgemein 0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.3357			
	Prostata-Hyperplasie 0.0892			
	Samenblase 0.0890			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0532			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0213
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.3190
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0547
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0416

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0383	0.2034 4.9166	5
Brust	0.0256	0.0263	0.9722 1.0286	
Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268 1.0789	
Eierstock	0.0479	0.0156	3.0700 0.3257	
Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0276	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0307	0.0185	1.6567 0.6036	10
Gehirn	0.0569	0.0503	1.1314 0.8839	
Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0847	0.3899 2.5649	
Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029 0.9067	
Herz	0.0329	0.0137	2.3900 0.4184	15
Hoden	0.0288	0.0585	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0177	0.0266	0.6644 1.5052	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807 0.5950	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0300	0.4569 2.1888	
Niere	0.0326	0.0205	1.5861 0.6305	
Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795 5.5714	20
Penis	0.0479	0.1066	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0414	0.0255	1.6207 0.6170	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243 0.9763	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0272	1.4028 0.7128	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0357			
Samenblase	0.0534			
Sinnesorgane	0.0706			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
Zervix	0.0426			
	FOETUS			35
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0389			
Gehirn	0.0375			
Haematopoetisch	0.0315			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0249			
Lunge	0.0253			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0309			45
Placenta	0.0182			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.1156			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0759			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0262			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0331			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0697			65
Uterus_n	0.0083			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1365	0.0511	2.6695	0.3746
	Brust	0.1509	0.0583	2.5904	0.3860
	Duennndarm	0.0552	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0443	0.0301	1.4717	0.6795
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0554	0.0770	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1138	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0776	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0343	0.0082	4.1913	0.2386
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0891	0.0480	1.8561	0.5388
20	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.1886	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0255	2.4738	0.4042
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0679	1.5712	0.6365
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0852			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0389
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0342
65	Sinnesorgane	0.0542
	Uterus_n	0.0042

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0230	1.3559 0.7375	5
Brust	0.0128	0.0075	1.7013 0.5878	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807 0.1930	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642 1.3086	
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275 0.2683	10
Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307 1.2038	
Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0351	0.1640 6.0979	
Lunge	0.0166	0.0061	2.7095 0.3691	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711 1.7510	
Niere	0.0163	0.0205	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957 0.6686	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0128	0.8530 1.1723	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0217	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0182	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0131	
Prostata	0.0274	
Sinnesorgane	0.0155	65
Uterus_n	0.0167	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.3081	0.1048	2.9393	0.3402	5
Brust	0.0691	0.0432	1.5978	0.6259	
Duennndarm	0.0889	0.0165	5.3757	0.1860	
Eierstock	0.0809	0.0286	2.8258	0.3539	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.1552	0.0231	6.7095	0.1490	10
Gehirn	0.0503	0.0257	1.9583	0.5106	
Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0847	0.3032	3.2977	
Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267	
Herz	0.0477	0.0275	1.7347	0.5765	15
Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0280	0.0184	1.5241	0.6561	
Magen-Speiserohre	0.2126	0.1303	1.6313	0.6130	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506	
Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209	
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	20
Penis	0.2395	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.2288	0.1277	1.7913	0.5582	
Uterus_Endometrium	0.2230	0.1583	1.4084	0.7101	
Uterus_Myometrium	0.3354	0.2989	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.2852	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0512				
Prostata-Hyperplasie	0.1397				
Samenblase	0.6943				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.1704				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0417				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.2513				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0434				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0182				45
Prostata	0.0997				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0408				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0304				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0732				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0328				
Nerven	0.0281				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0833				65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0274	0.0144	1.9027	0.5256
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0204	0.5720	1.7481	5
Brust	0.0102	0.0169	0.6049	1.6531	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0201	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0118	0.0133	0.8861	1.1285	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	15
Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0167				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0409	2.3835	0.4196	5
Brust	0.0217	0.0038	5.7845	0.1729	
Duennndarm	0.0521	0.0496	1.0504	0.9520	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0081	0.0041	1.9799	0.5051	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0383	3.0253	0.3305	20
Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0928	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0283	0.0170	1.6634	0.6012	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0408	0.9352	1.0693	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				30
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0291	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0269	0.0094	2.8582	0.3499
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0399	0.0257	1.5551	0.6430
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0280	0.0082	3.4292	0.2916
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.1314
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	30
Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0122				65
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus n	0.0291				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0204	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0244	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0389	0.0078	4.9888	0.2004
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0315
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1013
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0458

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.1150	0.4407	2.2692	5
Brust	0.1484	0.1184	1.2530	0.7981	
Duenn darm	0.0858	0.0992	0.8651	1.1560	
Eierstock	0.2486	0.1119	2.2222	0.4500	
Endokrines Gewebe	0.0630	0.0627	1.0053	0.9947	
Gastrointestinal	0.1073	0.1665	0.6443	1.5522	10
Gehirn	0.0569	0.1397	0.4076	2.4532	
Haematopoetisch	0.1430	0.0758	1.8879	0.5297	
Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239	
Hepatisch	0.0238	0.1035	0.2298	4.3520	
Herz	0.0837	0.0550	1.5227	0.6567	15
Hoden	0.1093	0.0935	1.1684	0.8558	
Lunge	0.0831	0.0900	0.9237	1.0826	
Magen-Speiserohre	0.0676	0.1150	0.5882	1.7000	
Muskel-Skelett	0.0582	0.1320	0.4413	2.2660	
Niere	0.0597	0.0548	1.0904	0.9171	20
Pankreas	0.0760	0.0994	0.7645	1.3081	
Penis	0.0779	0.0533	1.4601	0.6849	
Prostata	0.1482	0.1256	1.1798	0.8476	
Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0272	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.1273	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0671				
Prostata-Hyperplasie	0.0892				
Samenblase	0.1157				
Sinnesorgane	0.0941				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1275				
Zervix	0.0852				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0409	0.5720	1.7481
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0104	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0164	0.7650	1.3073
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0136	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0361
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0315
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1316
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0107	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0124	
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0383		0.4068	2.4583
	Brust	0.0563		0.0226		2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0389		0.0026		14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0075		0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211		0.0093		2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170		0.0236		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0661		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0170		0.0137		1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0197		0.0102		1.9305	0.5180
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0163		0.0342		0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099		0.0221		0.4487	2.2286
	Penis	0.0629		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0501		0.0192		2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0534		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0623					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
45	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
55	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0006	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
60	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
65	Uterus_n	0.0042	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	
Gehirn	0.0096	0.0133	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	20
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0271	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0056				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0141				65
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus n	0.0167				65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0307	2.2882	0.4370
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0176	1.4555	0.6870
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0185	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0207	0.0277	0.7466	1.3394
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733
	Herz	0.0403	0.0412	0.9766	1.0240
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0204	1.5749	0.6350
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0383	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas	0.0330	0.0110	2.9915	0.3343
	Penis	0.2036	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0567	0.0341	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0543	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0361
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0285				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0409	0.0432	0.9468	1.0562
	Duenn darm	0.0705	0.0165	4.2635	0.2345
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0632	0.0093	6.8338	0.1463
	Gehirn	0.0806	0.1017	0.7927	1.2615
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0847	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0201	0.0687	0.2930	3.4133
	Hoden	0.1381	0.0234	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0488	0.0266	1.8367	0.5444
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0540	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0539	0.0800	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0785	0.0383	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0745			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0680
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1671
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.5264	0.1534	3.4322 0.2914	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.2575	0.0496	5.1903 0.1927	
Eierstock	0.0449	0.0052	8.6344 0.1158	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.2395	0.0416	5.7524 0.1738	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0428	0.0776	0.5515 1.8133	
Herz	0.2353	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0403	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0519	0.0041	12.7009 0.0787	
Magen-Speiserohre	0.4252	0.2070	2.0542 0.4868	
Muskel-Skelett	0.2090	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0828	0.0598 16.7142	20
Penis	0.4042	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.2659	0.1767	1.5046 0.6646	
Uterus_Endometrium	0.1959	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.3659	0.1834	1.9951 0.5012	
Uterus_allgemein	0.3056	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.1784			
Samenblase	0.3204			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.1384			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.1194			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0818			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0761			
Niere	0.0185			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0245			55
Foetal	0.0134			
Gastrointestinal	0.1587			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0154			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0274			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0666			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0269	0.0263	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0360	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0975	0.0818	1.1918 0.8391	5
Brust	0.0640	0.0470	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0460	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0958	0.0130	7.3680 0.1357	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645 1.1567	
Gastrointestinal	0.0249	0.0185	1.3461 0.7429	10
Gehirn	0.0185	0.0370	0.5000 2.0001	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0571	0.0194	2.9412 0.3400	
Herz	0.0392	0.1649	0.2377 4.2067	15
Hoden	0.0690	0.0117	5.9037 0.1694	
Lunge	0.0301	0.0286	1.0524 0.9502	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042 1.9833	
Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850 0.7782	
Niere	0.0299	0.0274	1.0904 0.9171	20
Pankreas	0.0066	0.0939	0.0704 14.2070	
Penis	0.0659	0.0267	2.4709 0.4047	
Prostata	0.0349	0.0234	1.4889 0.6716	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100 0.9901	25
Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0352			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0801			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0639			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0278			
Gastrointestinal	0.0639			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0260			
Herz-Blutgefuesse	0.0178			
Lunge	0.0434			
Nebenniere	0.0507			
Niere	0.0185			45
Placenta	0.0667			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0502			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.1020			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0239			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0333			65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0357	0.5373	1.8613
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0270	0.0078	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0251	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0468	0.3690	2.7102
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0713
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375	5
Brust	0.0435	0.0376	1.1569	0.8644	
Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.1587	0.0182	8.7167	0.1147	
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0050	5.7736	0.1732	
Gastrointestinal	0.0249	0.0231	1.0768	0.9286	10
Gehirn	0.0237	0.1551	0.1526	6.5542	
Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720	
Herz	0.0276	0.2749	0.1002	9.9774	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0239	0.0184	1.2983	0.7702	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
Muskel-Skelett	0.0325	0.0180	1.8085	0.5529	
Niere	0.0706	0.0068	10.3095	0.0970	20
Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607	
Penis	0.1228	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0392	0.0277	1.4173	0.7056	
Uterus_Endometrium	0.1081	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1296	0.1223	1.0599	0.9435	25
Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.1384				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.0389	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0506	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0309	45
Placenta	0.0485	
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.3190	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0157	
Gastrointestinal	0.0488	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0191	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust	0.0192	0.0094	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.1022	0.0201	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0510	0.0267	1.9107	0.5234
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
15	Herz	0.0191	0.0137	1.3878	0.7206
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0170	1.4075	0.7105
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0683
	Haut-Muskel	0.0518
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0291

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0179	0.0094	1.9055	0.5248	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0329	0.0104	3.1660	0.3159	10
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0170	0.0205	0.8280	1.2078	
Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845	
Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983	20
Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548	25
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0167				
Gehirn	0.0250				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0544				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0181				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0292				
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0241				60
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0619				
Uterus n	0.0291				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0230	2.2034	0.4538
	Brust	0.0307	0.0263	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0200	0.0370	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0392	0.0962	0.4075	2.4539
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0660	0.4932	2.0275
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.1104	0.0449	22.2855
	Penis	0.0299	0.0533	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559	0.1273
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0375			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0256	1.0678 0.9365	5
Brust	0.0269	0.0338	0.7939 1.2595	
Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268 1.0789	
Eierstock	0.0749	0.0338	2.2140 0.4517	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075 2.4537	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0244	0.0298	0.8193 1.2206	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0624	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676 2.7200	
Herz	0.0148	0.0550	0.2698 3.7059	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0166	0.0225	0.7390 1.3533	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.1285	0.0300	4.2833 0.2335	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997 10.0285	
Penis	0.0180	0.0267	0.6739 1.4839	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462 6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741 2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			45
Placenta	0.0606			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0612			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0245			55
Foetal	0.0291			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0120			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0167			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0895	0.7845	1.2747
	Brust	0.0333	0.0094	3.5387	0.2826
	Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0041	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0528	1.6644	0.6008
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0340	0.8978	1.1138
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1278			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0861
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.2484
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0524
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.1443	0.2019	0.7144 1.3997	5
Brust	0.1906	0.1842	1.0347 0.9665	
Duennndarm	0.2054	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.4073	0.1639	2.4853 0.4024	
Endokrines_Gewebe	0.1329	0.1304	1.0189 0.9815	
Gastrointestinal	0.1839	0.2775	0.6627 1.5090	10
Gehirn	0.0821	0.2434	0.3372 2.9656	
Haematopoetisch	0.2219	0.0379	5.8579 0.1707	
Haut	0.1836	0.2542	0.7220 1.3850	
Hepatisch	0.0476	0.2911	0.1634 6.1200	
Herz	0.1802	0.1375	1.3107 0.7630	15
Hoden	0.1266	0.2222	0.5697 1.7554	
Lunge	0.1174	0.2229	0.5267 1.8987	
Magen-Speiserohre	0.1546	0.2223	0.6955 1.4379	
Muskel-Skelett	0.1165	0.0780	1.4936 0.6695	
Niere	0.0706	0.2191	0.3222 3.1039	20
Pankreas	0.1421	0.2154	0.6597 1.5159	
Penis	0.1976	0.0800	2.4709 0.4047	
Prostata	0.1962	0.1725	1.1374 0.8792	
Uterus_Endometrium	0.2162	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.2515	0.2241	1.1223 0.8911	25
Uterus_allgemein	0.2445	0.0954	2.5620 0.3903	
Brust-Hyperplasie	0.2238			
Prostata-Hyperplasie	0.2943			
Samenblase	0.4183			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1179			30
Zervix	0.1810			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.3193	
Gehirn	0.3378	
Haematopoetisch	0.2006	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefasse	0.1565	
Lunge	0.2962	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.2286	45
Placenta	0.0606	
Prostata	0.1995	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.1013	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0309	
Gastrointestinal	0.0610	
Haematopoetisch	0.2278	
Haut-Muskel	0.0713	
Hoden	0.0463	60
Lunge	0.0655	
Nerven	0.0291	
Prostata	0.1094	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0125	65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0089	0.0103	0.8640	1.1575
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0412	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0383	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0307	0.6356 1.5733	5
Brust	0.0115	0.0056	2.0416 0.4898	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050 0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0226	0.1509 6.6250	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0288	0.0133	2.1599 0.4630	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059 0.4533	
Herz	0.0095	0.0137	0.6939 1.4412	15
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0073	0.0061	1.1854 0.8436	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711 1.7510	
Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0064	0.3412 2.9308	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121 1.9526	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0375			
Haematopoetisch	0.0157			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0036			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0070			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0083			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust	0.0294	0.0169	1.7391 0.5750
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268 1.0789
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700 0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113 1.6358
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0370	0.5177 1.9316
	Gehirn	0.0333	0.0205	1.6199 0.6173
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252 1.0809
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0249	0.0102	2.4386 0.4101
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis	0.0389	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0414	0.0362	1.1441 0.8741
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0654		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0213		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0382
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0232
65	Uterus_n	0.0375

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.2262	0.2019	1.1199 0.8929	5
Brust	0.2315	0.2876	0.8051 1.2421	
Duennndarm	0.2483	0.0992	2.5025 0.3996	
Eierstock	0.4463	0.1743	2.5603 0.3906	
Endokrines_Gewebe	0.1448	0.1304	1.1103 0.9007	
Gastrointestinal	0.1456	0.2637	0.5522 1.8109	10
Gehirn	0.1183	0.2495	0.4740 2.1095	
Haematopoetisch	0.2901	0.1515	1.9144 0.5224	
Haut	0.1909	0.9322	0.2048 4.8831	
Hepatisch	0.0856	0.3753	0.2282 4.3822	
Herz	0.1971	0.2199	0.8963 1.1157	15
Hoden	0.0978	0.2923	0.3345 2.9892	
Lunge	0.2223	0.2249	0.9884 1.0118	
Magen-Speiserohre	0.1836	0.2147	0.8554 1.1691	
Muskel-Skelett	0.1542	0.4139	0.3725 2.6849	
Niere	0.1249	0.2944	0.4242 2.3575	20
Pankreas	0.2131	0.1767	1.2059 0.8292	
Penis	0.1916	0.1866	1.0269 0.9738	
Prostata	0.3226	0.2747	1.1744 0.8515	
Uterus_Endometrium	0.1892	0.4222	0.4481 2.2316	
Uterus_Myometrium	0.4040	0.3532	1.1438 0.8742	25
Uterus_allgemein	0.3718	0.1908	1.9482 0.5133	
Brust-Hyperplasie	0.2494			
Prostata-Hyperplasie	0.2557			
Samenblase	0.3382			
Sinnesorgane	0.1529			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2064			30
Zervix	0.2449			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.2783			
Gastrointestinal	0.4137			
Gehirn	0.4004			
Haematopoetisch	0.2045			
Haut	0.5025			40
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefuesse	0.4091			
Lunge	0.2962			
Nebenniere	0.2535			
Niere	0.3212			45
Placenta	0.1757			
Prostata	0.2244			
Sinnesorgane	0.0502			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.1429			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.2177			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0530			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0259			
Hoden	0.0386			60
Lunge	0.0737			
Nerven	0.0311			
Prostata	0.0752			
Sinnesorgane	0.0232			
Uterus_n	0.0416			65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0155	0.0185	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0177	0.0245	0.7197	1.3894
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
20	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0389
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0309
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0232
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0204	0.9534 1.0489	5
Brust	0.0128	0.0132	0.9722 1.0286	
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830 0.6743	
Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248 0.3200	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779 0.4390	10
Gehirn	0.0059	0.0144	0.4114 2.4307	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0135	0.0102	1.3209 0.7571	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0240	0.5711 1.7510	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983 1.6714	
Penis	0.0269	0.0267	1.0108 0.9893	
Prostata	0.0523	0.0511	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113 0.1782	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0565			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0139	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0361	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0272	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0292	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0615	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0307	1.1441	0.8741
	Brust	0.0422	0.0470	0.8983	1.1132
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0839	0.0156	5.3725	0.1861
	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0351	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0266	0.0185	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0297	0.0550	0.5397	1.8529
15	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0229	0.0184	1.2419	0.8052
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0291	0.0180	1.6181	0.6180
	Niere	0.0407	0.0205	1.9826	0.5044
20	Pankreas	0.0248	0.0718	0.3452	2.8971
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0341	1.2156	0.8227
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0408	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0954	0.4270	2.3420
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.1001
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.1130

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0680
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0486
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0392
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.3561
65	Uterus_n	0.0624

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0448	0.0132	3.4026 0.2939	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050 0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0251	0.7472 1.3384	
Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248 1.3797	10
Gehirn	0.0333	0.0236	1.4086 0.7099	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059 0.4533	
Herz	0.0180	0.0687	0.2621 3.8149	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0280	0.0204	1.3717 0.7290	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009 0.4760	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663 1.5009	
Niere	0.0136	0.0205	0.6609 1.5132	
Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977 1.2536	20
Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0131	0.0170	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
Zervix	0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0167			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0320			
Lunge	0.0361			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0203			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0274			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0648			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0211			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.1316			
Uterus_n	0.0208			65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.2582	0.0604	16.5526
	Brust	0.0205	0.0357	0.5731	1.7450
	Duenndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0326	1.4107	0.7088
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0698	0.0212	47.2249
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.5085	0.0361	27.7007
	Hepatisch	0.0190	0.0518	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0434	0.0137	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1358	0.2245	4.4553
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.3554
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.2281
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	1.6381
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.1337
	Nebenniere	1.0903
45	Niere	0.6857
	Placenta	0.6847
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1063
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.4170
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0599	0.0078	7.6750	0.1303	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0254	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.1174				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0141	0.0132	1.0694	0.9351
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705	2.6991
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0499	0.0225	2.2169	0.4511
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0503			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.3129
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1164
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0274
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0619
65	Uterus_n	0.0375

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0716	1.3620	0.7342	5
Brust	0.1292	0.0733	1.7624	0.5674	
Duennndarm	0.0429	0.0496	0.8651	1.1560	
Eierstock	0.1917	0.0624	3.0700	0.3257	
Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0226	3.5472	0.2819	
Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0939	0.2126	0.4417	2.2639	
Haematopoetisch	0.0441	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200	
Herz	0.1441	0.3986	0.3616	2.7658	15
Hoden	0.0863	0.0234	3.6898	0.2710	
Lunge	0.0862	0.0818	1.0542	0.9486	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850	
Muskel-Skelett	0.1645	0.2580	0.6375	1.5686	
Niere	0.0299	0.1096	0.2726	3.6683	20
Pankreas	0.0264	0.1215	0.2176	4.5964	
Penis	0.1856	0.1333	1.3927	0.7180	
Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908	
Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0838	0.0747	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0895				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0823				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1145				
Zervix	0.1278				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0328	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

□

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.1311	0.0050	26.1510	0.0382
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0904	0.0712	1.2701	0.7874
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0679	0.0548	1.2391	0.8070
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0466
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

0

0

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	5
Brust	0.0205	0.0113	1.8147	0.5510	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0075	1.3585	0.7361	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	15
Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755	20
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614	
Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0178				30
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0188				40
Haematopoetisch	0.0236				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0124				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0211				
Prostata	0.0342				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
		Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
10		Endokrines_Gewebe 0.0545	0.0025	21.7359	0.0460
		Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15		Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0000	0.0061	0.0000	undef
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
20		Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
		Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
		Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
		Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
		Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
		Zervix 0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0139			
		Gastrointestinal 0.0000			
40		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0000			
		Lunge 0.0000			
45		Nebenniere 0.0254			
		Niere 0.0741			
		Placenta 0.0727			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust 0.0000			
55		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0041			
		Gastrointestinal 0.0000			
60		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0000			
		Prostata 0.0068			
65		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0125			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

□
□
□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1677	0.0486	3.4523	0.2897	5
Brust	0.2162	0.1015	2.1298	0.4695	
Duennndarm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691	
Eierstock	0.2336	0.0416	5.6124	0.1782	10
Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132	
Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597	
Gehirn	0.0606	0.0483	1.2561	0.7961	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.2203	0.0847	2.5992	0.3847	15
Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886	
Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082	
Lunge	0.1236	0.0593	2.0847	0.4797	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040	20
Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024	
Niere	0.1059	0.0068	15.4643	0.0647	
Pankreas	0.0297	0.0663	0.4487	2.2286	
Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936	
Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773	25
Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1906	0.1562	1.2199	0.8198	
Uterus_allgemein	0.3361	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2782				
Prostata-Hyperplasie	0.0981				30
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.1491				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.2783				
Gastrointestinal	0.0833				40
Gehirn	0.0250				
Haematopoetisch	0.0275				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0889				45
Lunge	0.1012				
Nebenniere	0.1268				
Niere	0.0432				
Placenta	0.2969				
Prostata	0.1496				
Sinnesorgane	0.0502				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0544				55
Eierstock_n	0.7974				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0490				
Foetal	0.0641				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0292				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0191				65
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
10	Duenn darm	0.0613	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0421	0.0278	1.5186	0.6585
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1294	0.3676	2.7200
	Herz	0.0170	0.5636	0.0301	33.2371
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.2176	0.0060	36.2649	0.0276
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0479	0.0532	0.9008	1.1101
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	5
Blase	0.0039	0.0179	0.2179 4.5888	
Brust	0.0128	0.0094	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	10
Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700 0.3257	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774 0.4206	
Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522 1.8109	
Gehirn	0.0140	0.0164	0.8550 1.1697	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000	15
Haut	0.0073	0.1695	0.0433 23.0839	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023 0.9977	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983 1.2526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	20
Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283 2.3347	
Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0128	1.1942 0.8374	25
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			30
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
Zervix	0.0213			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0278			40
Gehirn	0.0313			
Haematopoetisch	0.0275			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0178			45
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			
Placenta	0.0364			
Prostata	0.0748			50
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			65
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0230	0.3390	2.9500
	Brust	0.0358	0.0301	1.1909	0.8397
10	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0126	0.0318	0.3948	2.5328
15	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0360	0.7615	1.3133
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8500
25	Penis	0.0389	0.0533	0.7301	1.3698
	Prostata	0.0436	0.0255	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153 1.0926	5
Brust	0.0038	0.0188	0.2042 4.8982	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913 0.1371	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038 0.9060	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425 0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0164	0.2700 3.7039	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0104	0.0143	0.7258 1.3779	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151 3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406	20
Pankreas	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0170	0.8957 1.1165	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223 0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
Zervix	0.0319			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0438			
Haematopoetisch	0.0118			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0107			
Lunge	0.0253			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0169			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0227			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0342			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			65

□

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0150	0.2552	3.9185
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0150	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0164	0.3150	3.1748
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0083	
	Gehirn	0.0375	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0253	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
55	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0151	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0228	
60	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0060	
	Prostata	0.0342	
65	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0167	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

□

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244	5
Brust	0.0064	0.0132	0.4861	2.0572	
Duenndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0240	0.0104	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537	10
Gastrointestinal	0.0268	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0148	0.0185	0.8000	1.2501	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0177	0.0061	2.8789	0.3474	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0383	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184	20
Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0340	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				30
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0063				40
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0391				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0124				
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0530				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				60
Haut-Muskel	0.0713				
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0251				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0155				65
Uterus_n	0.0541				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
		Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
10		Eierstock 0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000	undef
		Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef	0.0000
		Gehirn 0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
		Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
15		Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
		Lunge 0.0042	0.0000	undef	0.0000
20		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
		Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
		Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
25		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust-Hyperplasie 0.0032			
		Prostata-Hyperplasie 0.0119			
30		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
		Zervix 0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0139			
		Gastrointestinal 0.0111			
40		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0079			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0036			
45		Lunge 0.0108			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			
50		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust 0.0000			
55		Eierstock_n 0.1595			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0052			
		Gastrointestinal 0.0000			
60		Haematopoetisch 0.0114			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0154			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0100			
65		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0125			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
				5
Blase	0.0468	0.0486	0.9634 1.0379	
Brust	0.0499	0.0357	1.3969 0.7159	
Duennndarm	0.0491	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0958	0.0416	2.3025 0.4343	10
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0326	0.7315 1.3671	
Gastrointestinal	0.0421	0.0786	0.5360 1.8657	
Gehirn	0.0155	0.0585	0.2652 3.7701	
Haematopoetisch	0.0521	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000 undef	
Herz	0.0435	0.0687	0.6322 1.5818	
Hoden	0.0173	0.0819	0.2108 4.7428	
Lunge	0.0322	0.0532	0.6057 1.6509	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0230	2.5211 0.3967	20
Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705 0.6367	
Niere	0.0081	0.0753	0.1081 9.2471	
Pankreas	0.0281	0.0718	0.3912 2.5563	
Penis	0.0509	0.0533	0.9547 1.0475	
Prostata	0.0588	0.0362	1.6258 0.6151	25
Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0543	1.2625 0.7920	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337 1.8736	
Brust-Hyperplasie	0.0576			
Prostata-Hyperplasie	0.0624			30
Samenblase	0.1780			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
Zervix	0.0106			35
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0777			40
Gehirn	0.0813			
Haematopoetisch	0.0590			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0356			45
Lunge	0.0939			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0309			
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	0.0000			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0244			60
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0020			65
Prostata	0.0342			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

□
□
□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				30
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0205				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389	
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	
Gehirn	0.0089	0.0236	0.3756	2.6622	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7059	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0093	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003	
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203	
Pankreas	0.0149	0.0110	1.3462	0.7429	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070	
Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0194				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0145				45
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0068				65
Sinnesorgane	0.1703				
Uterus_n	0.0208				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

□
□
□
□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
10	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0214	0.0072	2.9827	0.3353
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

□
□
□
□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222	5
Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				40
Gehirn	0.0375				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0408				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				60
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0151				
Prostata	0.0068				65
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0250				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0546	0.0204	2.6695	0.3746
	Brust	0.0397	0.0075	5.2741	0.1896
10					
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0287	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0103	0.0051	2.0159	0.4961
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0166	0.0041	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705	0.6367
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0362	0.8430	1.1863
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40		
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55		
	Brust	0.0816
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0307	0.0301	1.0208	0.9796	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448	10
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0015	0.0072	0.2057	4.8614	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0093	0.0020	4.5723	0.2187	25
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	30
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestin	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				50
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				65
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0180	0.0000	undef	0.0000
		Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
		Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
15		Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
20		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
		Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
25		Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
		Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
		Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
30		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
35		Zervix 0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40		Entwicklung 0.0000
		Gastrointestinal 0.0000
		Gehirn 0.0000
		Haematopoetisch 0.0000
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
45		Herz-Blutgefuesse 0.0000
		Lunge 0.0000
		Nebenniere 0.0000
		Niere 0.0000
		Placenta 0.0000
50		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55		Brust 0.0000
		Eierstock_n 0.0000
		Eierstock_t 0.0000
		Endokrines_Gewebe 0.0000
		Foetal 0.0000
60		Gastrointestinal 0.0000
		Haematopoetisch 0.0000
		Haut-Muskel 0.0000
		Hoden 0.0000
		Lunge 0.0000
65		Nerven 0.0000
		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0000
		Uterus_n 0.0000

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef	5
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef	10
	Eierstock 0.0120	0.0000	undef	0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef	15
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef	20
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef	25
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust-Hyperplasie 0.0000				30
	Prostata-Hyperplasie 0.0000				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
	Zervix 0.0000				35
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0000				40
	Gehirn 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Haut 0.0000				
	Hepatisch 0.0000				
	Herz-Blutgefuesse 0.0000				45
	Lunge 0.0000				
	Nebenniere 0.0000				
	Niere 0.0000				
	Placenta 0.0000				
	Prostata 0.0000				50
	Sinnesorgane 0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust 0.0000				55
	Eierstock_n 0.0000				
	Eierstock_t 0.0000				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0000				60
	Haematopoetisch 0.0000				
	Haut-Muskel 0.0000				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0000				
	Nerven 0.0000				65
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
	Uterus_n 0.0000				

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust 0.0102	0.0019	5.4442	0.1837
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0250
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0612
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit			
Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0387	0.0000	undef	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointensteinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0000	0.0038	0.0000 undef	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999 0.5556	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402 0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0137	0.0000 undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

□

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0345	0.0075	4.5936	0.2177
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0371	0.0137	2.6984	0.3706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0260	0.0225	1.1546	0.8661
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0217
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0375

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805 1.4694	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599 0.4630	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0343	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0208	0.0266	0.7816	1.2794
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

□

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185	5
Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674	
Duendarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	
Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0300	0.3427	2.9183	20
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0952				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
		Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Eierstock 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

□

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
FOETUS					35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				55
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0228				60
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

□
□
□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	
Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723	0.4826	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285	0.9723	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0277	0.3937	2.5400	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0111				40
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0217				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0405				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0181				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0208				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
10	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0037	0.0144	0.2571	3.8891
15	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	10
Eierstock	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213 1.6096	
Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599 0.4630	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	15
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0000	0.0102	0.0000 undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0109	0.0234	0.4653 2.1492	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000 undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0072			45
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0111			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			60
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0231			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0068			65
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0103	0.6480	1.5433	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070	25
Prostata	0.0087	0.0192	0.4549	2.1981	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0106				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0083				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0408				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0810				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0169				
Gastrointestinal	0.0366				60
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0137				65
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0291				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase	0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
		Brust	0.0333	0.0056	5.8979 0.1696
10		Duenn darm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock	0.0509	0.0182	2.7959 0.3577
		Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0301	0.7359 1.3590
		Gastrointestinal	0.0326	0.0185	1.7602 0.5681
15		Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399 0.9616
		Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000
		Haut	0.0404	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
		Herz	0.0053	0.0137	0.3855 2.5941
20		Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge	0.0280	0.0061	4.5723 0.2187
		Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
		Muskel-Skelett	0.0308	0.0120	2.5700 0.3891
		Niere	0.0244	0.0068	3.5687 0.2802
25		Pankreas	0.0116	0.0000	undef 0.0000
		Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
		Prostata	0.0022	0.0064	0.3412 2.9308
		Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
		Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
		Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000
30		Brust-Hyperplasie	0.0128		
		Prostata-Hyperplasie	0.0059		
		Samenblase	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0147		
35		Zervix	0.0106		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40		Entwicklung
		Gastrointestinal
		Gehirn
		Haematopoetisch
		Haut
		Hepatisch
45		Herz-Blutgefuesse
		Lunge
		Nebenniere
		Niere
		Placenta
50		Prostata
		Sinnesorgane

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55		Brust
		Eierstock_n
		Eierstock_t
		Endokrines_Gewebe
		Foetal
60		Gastrointestinal
		Haematopoetisch
		Haut-Muskel
		Hoden
		Lunge
65		Nerven
		Prostata
		Sinnesorgane
		Uterus_n

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0234	0.0179	1.3075 0.7648	5
Brust	0.0397	0.0094	4.2193 0.2370	
Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634 2.1579	
Eierstock	0.0509	0.0130	3.9143 0.2555	
Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0226	1.8868 0.5300	
Gastrointestinal	0.0460	0.0185	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0111	0.0185	0.6000 1.6668	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084 3.2426	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0322	0.0123	2.6248 0.3810	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0240	0.9994 1.0006	
Niere	0.0217	0.0205	1.0574 0.9457	
Pankreas	0.0215	0.0110	1.9445 0.5143	20
Penis	0.0299	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestenstinal	0.0139	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0213	
Lunge	0.0397	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0242	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0093	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0137	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0230	2.0339	0.4917
	Brust	0.0972	0.0526	1.8471	0.5414
	Duennndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.1198	0.0156	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0125	2.5811	0.3874
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0428	0.0065	6.6177	0.1511
15	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0457	0.0184	2.4837	0.4026
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0720	0.9518	1.0506
	Niere	0.0516	0.0068	7.5339	0.1327
20	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0192	1.2511	0.7993
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
25	Uterus_allgemein	0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0745			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.4785
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0419
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

□

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0204	1.9068	0.5244	5
Brust	0.0895	0.0357	2.5072	0.3988	
Duenndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060	10
Gastrointestinal	0.0402	0.0093	4.3488	0.2299	
Gehirn	0.0296	0.0298	0.9930	1.0070	
Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400	15
Herz	0.0329	0.0275	1.1950	0.8368	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0239	0.0041	5.8424	0.1712	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0537	0.7203	1.3883	
Muskel-Skelett	0.0463	0.0120	3.8549	0.2594	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326	
Penis	0.0958	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0392	0.0149	2.6322	0.3799	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0762	0.0204	3.7409	0.2673	25
Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0470				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0532				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0194				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0236				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				45
Niere	0.0247				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0122				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0151				
Prostata	0.0342				
Sinnesorgane	0.0155				65
Uterus_n	0.0042				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
		Brust 0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
		Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
		Eierstock 0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10		Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
		Gastrointestinal 0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
		Gehirn 0.0266	0.0246	1.0799	0.9260
		Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
		Herz 0.0191	0.0412	0.4626	2.1618
		Hoden 0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
		Lunge 0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
		Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20		Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
		Niere 0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
		Pankreas 0.0116	0.0331	0.3490	2.8653
		Penis 0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
		Prostata 0.0305	0.0341	0.8957	1.1165
25		Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
		Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0096			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
30		Samenblase 0.0267			
		Sinnesorgane 0.0118			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0069			
		Zervix 0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0139			
		Gastrointestinal 0.0167			
40		Gehirn 0.0751			
		Haematopoetisch 0.0039			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0107			
		Lunge 0.0289			
45		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0247			
		Placenta 0.0121			
		Prostata 0.0249			
		Sinnesorgane 0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust 0.0612			
55		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0911			
		Endokrines_Gewebe 0.0735			
		Foetal 0.0437			
		Gastrointestinal 0.0122			
60		Haematopoetisch 0.0171			
		Haut-Muskel 0.0680			
		Hoden 0.0077			
		Lunge 0.0164			
		Nerven 0.0432			
		Prostata 0.0479			
65		Sinnesorgane 0.0387			
		Uterus_n 0.0250			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	5
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust	0.0026	0.0038	0.6805 1.4694	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048	
Gehirn	0.0067	0.0041	1.6199 0.6173	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	15
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	20
Niere	0.0027	0.0137	0.1983 5.0439	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			30
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0000			
				35
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0278			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			40
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0254			45
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			55
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			60
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5				
	Blase	0.0078	0.0051	1.5254 0.6555
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637 0.2099
10	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0163	0.0154	1.0559 0.9470
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176 3.1487
15	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
	Zervix	0.0000		
35				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278		
40	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0250		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefasse	0.0000		
45	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0354		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0076		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0331		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_n	0.0000		

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	10
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				35
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				40
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				45
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0110				65
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
10	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	5
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef 0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798 0.3472	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.1695	0.0433 23.0839	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			30
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
Zervix	0.0000			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			45
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			50
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0082			
Gastrointestinal	0.0000			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0231			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0070			65
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
15	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
25	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

□		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
□		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	5
□				T/N	
□		Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000	
		Brust 0.0153	0.0038	4.0832 0.2449	10
		Duennndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000	
		Eierstock 0.0210	0.0052	4.0294 0.2482	
		Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189 0.9815	
		Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000	
		Gehirn 0.0052	0.0205	0.2520 3.9685	15
		Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef 0.0000	
		Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000	
		Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000	
		Herz 0.0159	0.0000	undef 0.0000	
		Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000	
		Lunge 0.0114	0.0020	5.5884 0.1789	20
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef	
		Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282 1.5918	
		Niere 0.0000	0.0000	undef undef	
		Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	25
		Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000	
		Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
		Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
		Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef	
		Brust-Hyperplasie 0.0128			30
		Prostata-Hyperplasie 0.0000			
		Samenblase 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0130			
		Zervix 0.0000			35
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0417			40
		Gastrointestinal 0.0139			
		Gehirn 0.0125			
		Haematopoetisch 0.0039			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0000			
		Herz-Blutgefuesse 0.0107			45
		Lunge 0.0036			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0000			
		Placenta 0.0000			
		Prostata 0.0000			50
		Sinnesorgane 0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust 0.0136			55
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0140			60
		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0065			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0082			
		Nerven 0.0070			65
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0153	0.0056	2.7221	0.3674
10	Duendarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0026	10.3613	0.0965
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
15	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416 0.4898	10
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057 1.1042	
Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903 1.4487	
Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397 0.1984	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059 9.4460	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2313 4.3235	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	20
Lunge	0.0062	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	25
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			35
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointestinal	0.0083			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			45
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0309			
Placenta	0.0000			50
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0203			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0012			60
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			65
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

DE 198 16 395 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Häufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernms gefunden:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104

(A) LÄNGE: 725 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

TKWDGANVAL KDSQVAQSD GEESPAAEEQ LLGEHIKEEK EESEFLPSSG GTFNISVSGD 60
IDGLITQALL TGNFESAVDL CLHDNRMDA IILAIAGGQE LLARTQKKYF AKSQSKITRL120
ITAVVMKNWK EIVESC DLKN WREALAAVLT YAKPDEFSAL CDLLGTRLEN EGDSLILQTA180
CLCYICAGNV EKLVCWTKA QDGSHP LSLQ DLIEKV VILR KAVQLTQAMD TSTVG VLLAA240
KMSQYANLLA AQGSIAAALA FLPDNTNQPN IMQLRDRLCR AQGEPVAGHE SPKIPYEKQQ300
LPKGRPGPVA GHHQMPRVQT QQYYPHGENP PPPGFIMHGN VNPNAAGQLP TSPGHMHTQV360
PPYPQPQPYQ PAQYPFEGTG GSAMYRPQQP VAPPTSNAYP NTPYISSASS YTGQSQLYAA420
QHQAASSPTSS PATSFPPPPS SGASFQHG GP APPSSSAYA LPPGTTGTLP AASELPASQR480
TENQSIQDQA PMLEGPQNGW NDPPALNRVP KKKKMPENFM PPVPITSPIM NPLGDPQSQM540
LQQQPSAPVP LSSQSSFPQP HLPGGQPFHG VQQPLGQTGM PPSFSKPNIE GAPGAPIGNT600
FQHVQSLPTK KITKKPIPDE HLILKTT FED LIQRCLSSAT DPQTKRKLDD ASKRLEFLYD660
KLREQTLSP ITSGLHNIAR SIETRYNSEG LTMHTHIVST SNFSETSAFM PVLKVVLTA720
NKLGV 725

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105 :

(A) LÄNGE: 476 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

BEST AVAILABLE COPY

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

THIS PAGE BLANK (USPTO)

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

PTPAPAQRFR EGGSGAPEQA ECVELLALG EPAEELCEEF LAHARGRLEK ELRNLEAELG 60
 PSPPAPDVLE FTDHGGSGFV GGLCQVAAAY QELFAAQGPA GAEKLAARFALV120
 ERRLAQEQQG GDNLLVRAL DRFHRRRLRAP GALLAAAGLA DAATEIVERV ARERLGHHLQ180
 GLRAAFLGCL TDVRQALAAP RVAGKEGPGI AELLANVASS ILSHIKASLA AVHLFTAKEV240
 SFSNKPYPFRG EFCSQGVREG LIVGFVHSMC QTAQSFCDSF GEKGGATPPA LLLLSRLCL300
 DYETATISYI LTLTDEQFLV QDQFPVTPVS TLCAEARETA RRLTHYVKV QGLVISQMLR360
 KSVETRDWLS TLEPRNVRAV MKRVVEDTTA IDVQVGLLYE EGVRKAQSSD SSKRTFSVYS420
 SSRQQGRYAP SYTPSAPMDT NLLSNIQKLF SERIDVFSPV EFNKVSVLTG IIKDQP 476

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106 :

(A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

QGRESLCQLS AAKGRGGRGP CPTVPAPAPE AEVQALRGPV QCEPDPSSSS SARWSSRPFP 60
 CRCPARRPRH AVSRLFGRCA ADEQAAYVYQ VLNFGMIVSS ALMIWKGLMV ITGESPIVV120
 VLSGSMEPAF HRGDLFLTN RVEDPIRVE IVVFRIEGRE IPIVHRVLKI HEKQNGHIKF180
 LTKGDNNAVD DRGLYKQGH WLEKKDVVGR ARGFVPYIGI VTILMNDYPK FKYAVLFLLG240
 LEVLVHRE 248

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 288 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

BEST AVAILABLE COPY

THIS PAGE BLANK (USPTO)